

自然科学研究機構

基礎生物學研究所 共同利用研究報告書

2021年度

目 次

新規モデル生物開発共同利用研究	1
個別共同利用研究	1 1
統合ゲノミクス共同利用研究	1 1 3
統合イメージング共同利用研究	2 5 7
大型スペクトログラフ共同利用実験	3 1 6
生物遺伝資源新規保存技術開発共同利用研究	3 4 4
研究会	3 7 2

(注) 取下げや中止となった課題は含まれません。

新規モデル生物開発共同利用研究

21-101 有尾両生類の新規モデル確立に向けた、イベリアトゲイモリの研究基盤の開発
林 利憲 広島大学両生類研究センター

21-102 エダアシクラゲを用いた新規刺胞動物モデルの研究基盤構築と研究者コミュニティ形成
中嶋 悠一郎 東京大学大学院薬学系研究科

21-103 器官再生の新規モデル確立に向けたヤマトヒメミミズ研究基盤の開発
山口 真二 帝京大学薬学部

2022 年 5 月 27 日

基礎生物學研究所長 殿

（報告者）

所属：広島大学両生類研究センター

氏名：林 利憲

下記のとおり実施しましたので報告します。

記

1. 種別（いずれかをチェック☑してください。）

- ☒ 新規モデル生物開発共同利用研究
- ☐ 個別共同利用研究
- ☐ 統合ゲノミクス共同利用研究
- ☐ 統合イメージング共同利用研究
- ☐ 大型スペクトログラフ共同利用実験
- ☐ 生物遺伝資源新規保存技術開発共同利用研究
- ☐ 研究会
- ☐ トレーニングコース実施

2. 研究課題名

有尾両生類の新規モデル確立に向けた、イベリアトゲイモリの研究基盤の開発

3. 課題番号（審査結果通知書及び申請書に記載しています。）

21-201

4. 所内対応者

氏名： 鈴木 賢一

（次ページに続く）

5. 共同利用研究分担者 (注1)(注2)(注3)

(記入例：自然大学大学院工学研究科 准教授 岡崎太郎)

- ・琉球大学大学院医学研究科 助教 松波雅俊
- ・中央大学理工学部 教授 福井彰雅
- ・鳥取大学医学部 教授 竹内隆
- ・鳥取大学医学部 准教授 井上武 (旧所属：学習院大学)
- ・産業技術総合研究所 主任研究員 原本悦和
- ・岡山大学異分野融合先端研究コア 准教授 佐藤伸
- ・基礎生物学研究所 生物機能情報分析室 教授 重信秀治
- ・基礎生物学研究所 生命熱動態研究室 准教授 亀井保博
- ・基礎生物学研究所 時空間制御研究室 准教授 野中茂紀
- ・基礎生物学研究所 ゲノム情報研究室 准教授 内山郁夫

6. 研究成果の概要及び今後の展望

有尾両生類に属するイモリは脊椎動物の中で際立った再生能力を持ち、器官再生研究の優れた実験材料として使われてきた。加えて、がんに対する抵抗性を持つ、羊膜類の直接の祖先に近い発生様式、ヒトの約 10 倍の巨大ゲノムをもつなど、興味深い生物学的特性を併せ持つ。しかしこれまで広く使われてきたイモリの種は研究室内での繁殖が困難であり、モデル生物化は行われなかった整備は行われてこなかった。これに対して研究代表者らは、大量繁殖が容易なイベリアトゲイモリを導入して、モデル生物としての研究システムの整備を進めてきた。

新規モデルであるイベリアトゲイモリの研究上の価値を高める上で、ゲノム情報の整備が研究者コミュニティからも強く求められている。そのため、2021 年度の研究はゲノム情報の整備を重点的に行うこととした。

研究代表者が行ってきた継代飼育により近交化したイベリアトゲイモリ個体からゲノム DNA を抽出して、基生研の Sequel IIe シークエンサーによる配列取得を実施した結果、イベリアトゲイモリの予想されるゲノムサイズの約 20x に相当する配列情報を取得した。現在は基生研の Bias5 サーバーを用いてゲノム アセンブルやトランスクリプトームデータを解析しており、データベースの構築を進めている。このような新規モデル生物、さらには巨大ゲノム解読は両生類ユーザーのみならず、様々な分野へのインパクトが期待できる。このゲノム情報が公開されることで、イベリアトゲイモリを新規モデルとして利用するユーザーの増加が見込まれるとともに、研究情報の整備がもたらす研究の質の向上が期待される。

また、イモリの発生過程や器官再生の過程を立体的に解析するために、試料の透明化と 3 次元イメージングを可能にするため、組織の透明化を行うため実験条件の検討を行った。

7. 研究成果発表等の予定

本研究成果の内、ゲノム配列情報に関しては 2022 年度中にプレプリントジャーナルである bioRxiv に投稿した上で、国際科学雑誌に発表する計画である。また、令和

4年度の9月に岡崎にて中間報告会を兼ねたイベリアトゲイモリ研究会を開催する予定である。

8. 備考

(注1) 記入例に沿って所属先機関名、部局名、職名、氏名を記載してください。

(注2) 研究会の場合は参加者リストを別紙(様式任意)として添付してください。

(注3) 共同利用研究分担者及び研究会参加者各位に、(注4)のとおり所属先機関名、部局名、職名、氏名が公開されることの下承を得てください。情報公開に関する承認が得られなかった場合、承認を得られなかった方の情報は報告書に記載しないようご注意ください。

(注4) 共同利用研究実施報告書は基礎生物学研究所のホームページ(<http://www.nibb.ac.jp/collabo/invite/invite.html>)に公開されます。公開できない内容は省略し、簡潔にご記入ください。

(注5) 1.～4.の情報に誤りがあった場合、担当係にて修正の上、自然科学共同利用・共同研究統括システム(NOUS) (<https://www.nins.jp/site/nous/>)に再アップロードしますのでご了承ください。

2022 年 5 月 30 日

基礎生物學研究所長 殿

（報告者）

所属：東京大学大学院薬学系研究科

氏名：中嶋 悠一郎

下記のとおり実施しましたので報告します。

記

1. 種別（いずれかをチェック☑してください。）

- ☒ 新規モデル生物開発共同利用研究
- ☐ 個別共同利用研究
- ☐ 統合ゲノミクス共同利用研究
- ☐ 統合イメージング共同利用研究
- ☐ 大型スペクトログラフ共同利用実験
- ☐ 生物遺伝資源新規保存技術開発共同利用研究
- ☐ 研究会
- ☐ トレーニングコース実施

2. 研究課題名

エダアシクラゲを用いた新規刺胞動物モデルの研究基盤構築と研究者コミュニティ形成

3. 課題番号（審査結果通知書及び申請書に記載しています。）

21-102

4. 所内対応者

氏名： 生物機能情報分析室 重信 秀治 教授

（次ページに続く）

5. 共同利用研究分担者 (注1)(注2)(注3)

- ・宮城教育大学 教授 出口竜作
- ・県立広島大学 教授 菅裕
- ・東北大学 教授 谷本拓
- ・東北大学 教授 熊野岳
- ・東北大学 教授 牧野能士

6. 研究成果の概要及び今後の展望

本研究では、刺胞動物門のヒドロ虫綱に属する *Cladonema pacificum* (エダアシクラゲ) を用いた研究を進展させるために、モデル生物化を進めることを目的とする。そのために、ゲノム配列と各ステージの遺伝子発現を次世代シーケンス解析によって明らかにするとともに、遺伝子操作法の確立を目指して、ノックダウンやトランスジェニック、ゲノム編集などの導入を試みる。さらに、得られた情報を公開することで、オープンな研究コミュニティの形成を目指すものである。

本年度は、昨年度に行った、*Cladonema pacificum* の DNA のシーケンスアセンブリを行った(生物機能情報分析室による)。一方、ショートリードのアセンブリのクオリティがよくなかったことから、ロングリード (PacBio 使用) へ方針変更することとなった。

遺伝子発現解析に関しては、温度変化に応答した stolon と polyp、そして触手再生過程における遺伝子発現解析を *de novo* RNA-seq で行い、ドライ解析を進めた。また、遺伝子操作をするために、siRNA をエレクトロポレーション法によって受精卵へ導入するノックダウンを確立した。この手法は、ヒドロ虫綱に属する別種のクラゲである *Clytia hemisphaerica* でも効果的であった。今後、昨年度に未完了だった、*de novo* での genome assembly を行ない、発生の各ステージ(胚、プラヌラ幼生、初期 polyp、後期 polyp、stolon、メデューサ芽、メデューサ)における遺伝子発現解析の準備、そして遺伝子操作の確立に向けて、ノックダウンおよびゲノム編集を実現する予定である。さらに、

7. 研究成果発表等の予定

2018~2019 年度に「統合ゲノミクス共同利用研究」でも支援され、モデル生物・技術開発共同利用の基礎となった *Cladonema* の生活環を制御する温度応答の成果は、今年度中に論文を投稿する予定である。また、触手再生をモデルとした仕事についても論文を投稿する予定である。

siRNA でのノックダウンに法については、preprint を公開し、現在投稿論文を改訂中である。

Masuda-Ozawa T, Fujita S, Nakamura R, Watanabe H, Kuranaga E, ***Nakajima Y.**

“siRNA-mediated gene knockdown via electroporation in hydrozoan jellyfish embryos”. *bioRxiv*
doi: <https://doi.org/10.1101/2022.03.24.485716>

また、ゲノムや遺伝子発現のデータについても、アセンブリ作業を進め、投稿論文として発表して公開することで、研究コミュニティに還元する予定である。

今年度は、本提案の参加者を中心としたワークショップを開催予定である。

8. 備考

申請者の提案は令和4年度の「モデル生物・技術開発共同利用研究」に継続して採択された(課題番号 22NIBB202)。

(注1) 記入例に沿って所属先機関名、部局名、職名、氏名を記載してください。

(注2) 研究会の場合は参加者リストを別紙(様式任意)として添付してください。

(注3) 共同利用研究分担者及び研究会参加者各位に、(注4)のとおり所属先機関名、部局名、職名、氏名が公開されることの下承を得てください。情報公開に関する承認が得られなかった場合、承認を得られなかった方の情報は報告書に記載しないようご注意ください。

(注4) 共同利用研究実施報告書は基礎生物学研究所のホームページ(<http://www.nibb.ac.jp/collabo/invite/invite.html>)に公開されます。公開できない内容は省略し、簡潔にご記入ください。

(注5) 1.～4.の情報に誤りがあった場合、担当係にて修正の上、自然科学共同利用・共同研究統括システム(NOUS) (<https://www.nins.jp/site/nous/>)に再アップロードしますのでご了承ください。

基礎生物學研究所長 殿

（報告者）山口真二
所属：帝京大學薬学部
氏名： 山口真二

下記のとおり実施しましたので報告します。

記

1. 種別（いずれかをチェック☑してください。）

- ☒ 新規モデル生物開発共同利用研究
- ☐ 個別共同利用研究
- ☐ 統合ゲノミクス共同利用研究
- ☐ 統合イメージング共同利用研究
- ☐ 大型スペクトログラフ共同利用実験
- ☐ 生物遺伝資源新規保存技術開発共同利用研究
- ☐ 研究会
- ☐ トレーニングコース実施

2. 研究課題名

器官再生の新規モデル確立に向けたヤマトヒメミミズ研究基盤の開発

3. 課題番号（審査結果通知書及び申請書に記載しています。）

21-103

4. 所内対応者

氏名： 高田 慎治

（次ページに続く）

5. 共同利用研究分担者 (注1)(注2)(注3)

(記入例：自然大学大学院工学研究科 准教授 岡崎太郎)

- ・基礎生物学研究所 教授 新美輝幸
- ・帝京大学薬学部 助教 藤田俊之
- ・基礎生物学研究所 助教 三井優輔
- ・日本大学医学部 客員教授 野呂知加子

6. 研究成果の概要及び今後の展望

ヤマトヒメミミズ(*Enchytraeus japonensis*)は、再生能の高い環形動物であり、身体をバラバラに切断し、大部分の器官を失った小断片となっても、5日程度で全ての器官系を備えた完全な個体を再生する。ヤマトヒメミミズは、再生能の高い他の無脊椎動物のモデル生物と比べて、消化器系や心血管系などの器官系が発達しており、器官全体が再生されるメカニズムを明らかとする良いモデルとなると考えられる。環形動物の再生能は一般に高く、これまで生態学的な記載は多くなされてきたが、相応しいモデルとなる動物がなかったため細胞生物学的、分子生物学的に器官系の再生をとらえる研究はあまりされてこなかった。本研究では、ヤマトヒメミミズを器官再生の新規モデル生物として開発し、マウス、ショウジョウバエ等との比較研究が可能なレベルにまで研究基盤を整備することを目指す。

申請者は、ヤマトヒメミミズの小断片から再生芽が形成される際に発現上昇する遺伝子群を同定した。現在、幹細胞性の高い細胞に発現することが既知の遺伝子(*vasa*, *piwi*, *nanos*, *p110* など)とともに再生に伴った発現解析を進めている。さらに、ヤマトヒメミミズに直接 **dsRNA** を食べさせる **feeding** 法により、遺伝子抑圧の系を確立することに成功した。この遺伝子抑圧系を使って、再生時の機能解析を進めていく。

7. 研究成果発表等の予定

Cryopreservation Conference 2021 において、現状について口頭発表した。

ヤマトヒメミミズ遺伝資源の凍結保存技術の開発(口頭発表 ID:<14>) 藤田俊之, 山口真二, 成瀬 清 Cryopreservation Conference 2021, 2021 年 11 月 11-12 日, ONLINE(ZOOM and Slack)

8. 備考

(注1) 記入例に沿って所属先機関名、部局名、職名、氏名を記載してください。

(注2) 研究会の場合は参加者リストを別紙(様式任意)として添付してください。

(注3) 共同利用研究分担者及び研究会参加者各位に、(注4)のとおり所属先機関名、部局名、職名、氏名が公開されることのできることを了承してください。情報公開に関する承認が得られなかった場合、承認を得られなかった方の情報は報告書に記載しないようご注意ください。

(注4) 共同利用研究実施報告書は基礎生物学研究所のホームページ

(<http://www.nibb.ac.jp/collabo/invite/invite.html>)に公開されます。公開できない内容は省略し、簡潔にご記入ください。

(注5) 1. ～ 4. の情報に誤りがあった場合、担当係にて修正の上、自然科学共同利用・共同研究統括システム(NOUS) (<https://www.nins.jp/site/nous/>)に再アップロードしますのでご了承ください。

個別共同利用研究

- 21-201 タンパク質架橋化酵素とその関連タンパク質に関する創薬科学的研究
人見 清隆 名古屋大学大学院創薬科学研究科
- 21-202 モデル小型魚類利用によるシアル酸代謝とその機能解明研究
北島 健 名古屋大学生物機能開発利用研究センター
- 21-203 アンドロゲン受容体の魚類二次性徴発現および繁殖行動に果たす役割の解明
荻野 由紀子 九州大学大学院農学研究院
- 21-204 歯周病のメダカ感染モデル作製についての検討
神谷 重樹 大阪府立大学総合リハビリテーション学類 栄養療法学専攻
- 21-205 社会性アブラムシの兵隊カーストに関する生態進化発生学的研究
服部 充 長崎大学水産・環境科学総合研究科
- 21-206 メダカにおける血球の分化と機能および造血制御に関する解析
加藤 尚志 早稲田大学教育・総合科学学術院
- 21-207 メダカを用いた長鎖ノンコーディング RNA の生理機能解析
横井 佐織 北海道大学大学院薬学研究院
- 21-208 ツツジ科スノキ属ナガボナツハゼの絶滅回避に向けた菌根菌共生メカニズムの解明
富永 晃好 静岡大学農学部
- 21-209 CRISPR/dCas9 を用いたエピゲノム編集による育種法の開発
池田 陽子 岡山大学資源植物科学研究所
- 21-210 リュウキュウカジカガエルの高温耐性獲得に関わる HSF1 の分子進化及び機能解析
井川 武 広島大学両生類研究センター
- 21-211 発生期のホルモン環境に依存する生殖器の発達
宮川 信一 東京理科大学先進工学部

- 21-212 植物二次代謝の多様性を支えるメチルトランスフェラーゼの分子進化
加藤 美砂子 お茶の水女子大学基幹研究院
- 21-213 The role of polr1c in regulating endodermal cells in Type 3 Treacher Collins syndrome
謝 家暉 九州大学大学院農学研究院
- 21-214 雌性配偶体特異的遺伝子発現誘導系を用いたシロイヌナズナ極核融合機構の解析
西川 周一 新潟大学理学部
- 21-215 女王アリの長期間にわたる大量の精子貯蔵メカニズムの解明
後藤 彩子 甲南大学理工学部生物学科
- 21-216 ライブイメージングと数理モデリングによる糖感知機構の解析
佐野 浩子 久留米大学分子生命科学研究所
- 21-217 花卉の老化過程におけるオートファジーの重要性
吉本 光希 明治大学農学部
- 21-218 周期的一斉開花植物コダチスズムシソウの進化と 6 年を測る生物時計機構の解明
柿嶋 聡 国立科学博物館分子生物多様性研究資料センター
- 21-219 病原糸状菌・炭疽病菌の感染による植物細胞内のオルガネラ動態変化
島田 貴士 千葉大学大学院園芸学研究科
- 21-220 シロアリとアブラムシにおける不妊カーストの分化機構の解析
前川 清人 富山大学学術研究部理学系
- 21-221 多型性を示すアブラムシの各モルフと細胞内共生生物 *Buchnera* の量的関係の解明
秋元 信一 北海道大学大学院農学研究院
- 21-222 神経細胞内外の微細構造の in vivo イメージング
檜山 武史 岡山大学大学院医歯薬学総合研究科
- 21-223 花の構造色を発色する微細構造の形成メカニズム解明

越水 静 明治大学農学部

21-224 オサムシの後翅退化の分子機構の進化の解明

蘇 智慧 JT 生命誌研究館研究セクター

21-225 メダカをモデルとした魚類の雄不妊化遺伝子の同定

吉浦 康寿 水産研究・教育機構水産技術研究所

21-226 ゼニゴケにおけるクローン繁殖の制御機構

石崎 公庸 神戸大学大学院理学研究科

21-227 新口動物における生殖ホルモンの起源

栗田 喜久 九州大学大学院農学研究院

21-228 エレクトロポレーションを用いたサトイモの遺伝子導入法の確立

本橋 令子 静岡大学学術院農学領域

21-229 精巣特異的ヒストンバリエント H3t のヒストンコード解明

上田 潤 旭川医科大学先端医科学講座

21-230 多細胞性の起源とインテグリンと Notch マシーナリの進化

菅 裕 県立広島大学生命環境学部

21-231 造礁サンゴの幼生における光応答行動の分子基盤の解明

酒井 祐輔 大阪市立大学大学院理学研究科

21-232 根粒形成にける生体膜脂質の機能の解明

今井 博之 甲南大学理工学部生物学科

21-233 リンパ系と神経系における発現遺伝子と chromatin accessibility 解析

出口 友則 産業技術総合研究所生命工学領域

21-234 過剰栄養条件下におけるシロイヌナズナ成長抑制因子のスクリーニング

柴田 美智太郎 理化学研究所環境資源科学研究センター

21-235 フェリチンの核内動態の解析

杉山 真也 国立国際医療研究センター研究所

- 21-236 Molecular mechanism of stem cell formation in the moss *Physcomitrella patens*
CHEN Chunli Huazhong Agricultural UniversityLife Sciences and Technology
- 21-237 植物の細胞周期を抑制する転写因子の研究
伊藤 正樹 金沢大学理工研究域生命理工学系
- 21-238 セントロメアタンパク質の発生過程における役割
深川 竜郎 大阪大学大学院生命機能研究科
- 21-239 カゲロウ類を用いた進化的新奇形質である翅と鰓の分子基盤の獲得解明
竹中 將起 筑波大学生命環境系
- 21-240 ゲノム編集を用いたアブラムシにおけるオーキシンおよびサイトカイニン生合成
酵素候補遺伝子の機能解析
鈴木 義人 茨城大学農学部
- 21-241 ゼニゴケ分裂組織における遺伝子発現のイメージング解析
平川 有宇樹 学習院大学農学部
- 21-242 鱗翅目昆虫の無核精子の特性に関する研究
小長谷 達郎 奈良教育大学理科教育講座

2022 年 4 月 22 日

基礎生物学研究所長 殿

（報告者）

所属：名古屋大学大学院創薬科学研究科

氏名：人見 清隆

下記のとおり実施しましたので報告します。

記

1. 種別（いずれかをチェック☑してください。）

- ☐ 新規モデル生物開発共同利用研究
- ☒ 個別共同利用研究
- ☐ 統合ゲノミクス共同利用研究
- ☐ 統合イメージング共同利用研究
- ☐ 大型スペクトログラフ共同利用実験
- ☐ 生物遺伝資源新規保存技術開発共同利用研究
- ☐ 研究会
- ☐ トレーニングコース実施

2. 研究課題名

タンパク質架橋化酵素とその関連タンパク質に関する創薬科学的研究

3. 課題番号（審査結果通知書及び申請書に記載しています。）

21-201

4. 所内対応者

氏名：亀井 保博

（次ページに続く）

5. 共同利用研究分担者 (注1)(注2)(注3)

(記入例：自然大学大学院工学研究科 准教授 岡崎太郎)

- ・名古屋大学大学院創薬科学研究科 技術員 渡邊優子
- ・名古屋大学大学院創薬科学研究科 大学院生 Meng Qi
- ・名古屋大学大学院創薬科学研究科 大学院生 石川雄太
- ・名古屋大学大学院創薬科学研究科 大学院生 勝村恵理

6. 研究成果の概要及び今後の展望

タンパク質架橋化酵素は幅広い生物界において、タンパク質同士の不可逆な架橋接着など翻訳後修飾を通じて、タンパク質の構造・機能変換を行い、血液凝固や皮膚表皮形成など多様な生理機能の発揮に必須である。我々は本酵素の機能解明にメダカをモデル生物として扱い、遺伝子欠損体の作製を通じて新規機能を明らかにしてきた。また架橋される基質や制御因子についても、特に血液凝固因子（フィブリン、トロンビン）なども対象に含め、遺伝子変異個体の作製を行った。

これまでこれらの変異個体の作製にあたって個別共同利用を行っており、当該年度はまた、血液凝固に関わるトランスグルタミナーゼ (Factor XIII) を制御する因子、すなわち基質であるフィブリンやトロンビンに類似する遺伝子の変異個体の育成について、また論文作成のデータにつき技術相談などを行った。さらに当該年度は技術的な支援として、組織特異的な遺伝子欠損変異個体を作製する目的で、Cre - recombinase 遺伝子を組織特異的（肝臓・上皮組織）で発現させるためのゲノム編集実験・指導を共同利用において行って頂いた。

その結果、上皮特異的に Cre を発現するメダカを確立できており、対象遺伝子のより詳細で新奇な機能探索が可能になった。このような組織特異的な Cre 発現個体は、他の機能遺伝子を対象にする組織特異的な変異個体の確立に極めて有用である。今後それらの個体についてより詳細に検討を進め、また他組織の適用をめざす予定である。

7. 研究成果発表等の予定

本年度までの共同利用により以下の論文を投稿し、現在リバイス中である。

Meng Qi Watanabe Y. , Ishikawa Y., Tatsukawa H., Hashimoto H., Hitomi K.

Biochemical characterization of model fish medaka (*Oryzias latipes*) fibrinogen gamma and its gene-disruption resulting in anemia.

8. 備考

(注1) 記入例に沿って所属先機関名、部局名、職名、氏名を記載してください。

(注2) 研究会の場合は参加者リストを別紙（様式任意）として添付してください。

(注3) 共同利用研究分担者及び研究会参加者各位に、(注4)のとおり所属先機関名、部局名、職名、氏名が公開されることのできることを了承してください。情報公開に関する承認が得られなかった場合、承認を得られなかった方の情報は報告書に記載しないようご注意ください。

（注４） 共同利用研究実施報告書は基礎生物学研究所のホームページ（<http://www.nibb.ac.jp/collabo/invite/invite.html>）に公開されます。公開できない内容は省略し、簡潔にご記入ください。

（注５） １．～４．の情報に誤りがあった場合、担当係にて修正の上、自然科学共同利用・共同研究統括システム(NOUS)（<https://www.nins.jp/site/nous/>）に再アップロードしますのでご了承ください。

2022 年 5 月 7 日

基礎生物學研究所長 殿

（報告者）

所属：名古屋大学糖鎖生命コア研究所

統合生物医科学糖鎖研究センター

氏名：北島 健

下記のとおり実施しましたので報告します。

記

1. 種別（いずれかをチェック☑してください。）

- ☐ 新規モデル生物開発共同利用研究
- ☒ 個別共同利用研究
- ☐ 統合ゲノミクス共同利用研究
- ☐ 統合イメージング共同利用研究
- ☐ 大型スペクトログラフ共同利用実験
- ☐ 生物遺伝資源新規保存技術開発共同利用研究
- ☐ 研究会
- ☐ トレーニングコース実施

2. 研究課題名

モデル小型魚類利用によるシアル酸代謝とその機能解明研究

3. 課題番号（審査結果通知書及び申請書に記載しています。）

21-202

4. 所内対応者

氏名： 基礎生物學研究所 生物機能解析センター・光学解析室 特任准教授
亀井保博

5. 共同利用研究分担者（注1）（注2）（注3）

- ・基礎生物學研究所 バイオリソース研究所 特任教授 成瀬清
- ・名古屋大学大学院 生命農学研究科 教授 佐藤ちひろ
- ・名古屋大学 生物機能開発利用研究センター 助教 呉迪

（次ページに続く）

- ・名古屋大学大学院 生命農学研究科 博士4年 傳博
- ・名古屋大学大学院 生命農学研究科 博士2年 大本敬之
- ・名古屋大学大学院 生命農学研究科 博士1年 戸田さくら
- ・名古屋大学大学院 生命農学研究科 修士2年 中川貴博

6. 研究成果の概要及び今後の展望

シアル酸が細胞表面に発現するまでには、シアル酸転移酵素 (ST) によってシアル酸残基が複合糖質の糖鎖上に転移される必要がある。シアル酸はその前駆体からシアル酸9-リン酸合成酵素 (SPS) によって新生され、脱リン酸化後、CMP-シアル酸合成酵素 (CSS) によって、シアル酸転移酵素の供与体基質である CMP-シアル酸が合成される。CMP-シアル酸はそれを運搬する輸送体 (CST) によって Golgi 内腔に運搬される必要がある。一方、シアル酸はシアル酸ピルビン酸リアーゼ (SPL) によって分解される。本研究計画では、ST、CSS、CST、SPS、SPL 遺伝子の欠損および変異のあるメダカを作出、利用してシアル酸の機能解明を行う。

(1) まず CSS については、これまで亀井博士等とともに取り組んだ TILLING 法による CSS 変異体の研究成果を論文発表した。

(2) CSS 遺伝子座に任意の変異体 CSS をノックインさせたメダカの作出については、成瀬博士および京都大学の木下政人教授の指導下で現在も継続中である。

(3) また、ST については、 α 2,6-シアル酸転移酵素 I と II に着目して、Crispr-Cas9 法を用いてそれぞれの欠失メダカを作出した。形態的および生化学的表現型の解析を進めた。

7. 研究成果発表等の予定

TILLING ライブラリーから得られた CSS の点変異メダカ M2 については、国際誌 Scientific Reports に掲載した。M2 および TALEN による変異体メダカについては、投稿準備中である。

8. 備考

(注1) 記入例に沿って所属先機関名、部局名、職名、氏名を記載してください。

(注2) 研究会の場合は参加者リストを別紙(様式任意)として添付してください。

(注3) 共同利用研究分担者及び研究会参加者各位に、(注4)のとおり所属先機関名、部局名、職名、氏名が公開されることのできることを了承してください。情報公開に関する承認が得られなかった場合、承認を得られなかった方の情報は報告書に記載しないようご注意ください。

(注4) 共同利用研究実施報告書は基礎生物学研究所のホームページ (<http://www.nibb.ac.jp/collabo/invite/invite.html>) に公開されます。公開できない内容は省略し、簡潔にご記入ください。

(注5) 1. ~ 4. の情報に誤りがあった場合、担当係にて修正の上、自然科学共同利用・共同研究統括システム(NOUS) (<https://www.nins.jp/site/nous/>) に再アップロードしますのでご了承ください。

2022 年 4 月 28 日

基礎生物學研究所長 殿

（報告者）九州大学農学研究院
所属：九州大学農学研究院
氏名：荻野 由紀子

下記のとおり実施しましたので報告します。

記

1. 種別（いずれかをチェック☑してください。）

- ☐ 新規モデル生物開発共同利用研究
- ☒ 個別共同利用研究
- ☐ 統合ゲノミクス共同利用研究
- ☐ 統合イメージング共同利用研究
- ☐ 大型スペクトログラフ共同利用実験
- ☐ 生物遺伝資源新規保存技術開発共同利用研究
- ☐ 研究会
- ☐ トレーニングコース実施

2. 研究課題名

アンドロゲン受容体の魚類二次性徴発現および繁殖行動に果たす役割の解明

3. 課題番号（審査結果通知書及び申請書に記載しています。）

21-203

4. 所内対応者

氏名：基礎生物學研究所 神経生理学研究室 渡辺英治准教授

（次ページに続く）

5. 共同利用研究分担者 (注1)(注2)(注3)

(記入例：自然大学大学院工学研究科 准教授 岡崎太郎)

- ・バイオリソース研究室 教授 成瀬 清
- ・東北大学大学院生命科学研究科 助教 安齋 賢
- ・広島大学両生類研究所 教授 荻野 肇
- ・九州大学大学院農学研究院資源生物科学 修士課程 岡本啓吾

6. 研究成果の概要及び今後の展望

本研究は、二次性徴形質の組織特異性と多様性をもたらすアンドロゲン受容体 (AR) の転写制御機構を解明することを目的とするものである。新型コロナウイルス感染拡大の影響により出張することができず、当初予定していた実験を十分に行えなかったが、所内対応者及び共同研究者とメールなどにて打ち合わせを行い可能な範囲で、1) AR ohnolog (AR α 及び AR β) の発現動態の解明、2) AR ohnolog 特異的な標的遺伝子の同定、3) AR のパートナーとして働く AR ohnolog 特異的なパイオニア因子の同定を進めた。

AR-2xFLAG-mClover3 ノックインメダカでは、組織内における AR 発現細胞の分布を mClover3 陽性細胞として、細胞内の局在を抗 FLAG 抗体を用いた免疫染色により検出することができる (以下 AR-KI medaka と表記)。AR 変異体の表現型解析から AR β 依存的と考えられる臀鰭の二次性徴 (乳頭状小突起形成)、及び両 AR ohnolog が機能すると考えられる視床下部の視索前野 POA 領域について、AR-KI medaka を用いた免疫染色を行った。臀鰭の二次性徴において、AR β 特異的な高発現及び核局在が観察された。一方 POA 領域においては、両 AR ohnolog の高発現、明瞭な核局在が認められた。これらの結果から、AR ohnolog 特異的な細胞内局在が、それぞれに特異的な表現型発現の一要因である可能性が考えられた。一方で、両 AR ohnolog 依存的な発現変動遺伝子のレパートリーは大きく異なることが全脳 RNA-seq からわかってきており、両 AR ohnolog 特異的な標的遺伝子と脳神経行動との関連性を更に解析する予定である。

また、尻鰭を標的とした Cut&Run 解析から、アンドロゲンエフェクターとして働く Wnt 関連遺伝子の 5' 上流域に AR β 標的シストロームを発見した。興味深いことに、この AR β 標的シストロームに近接し、真骨魚類で保存性の高いシスエレメントのプールが検出され、オープンクロマチン解析から候補として見出したパイオニア因子群の結合配列が含まれていた。今後さらに、AR β 標的シストロームのゲノムワイドな検出を進めるとともに、レポーターアッセイによる AR と候補パイオニア因子との相互作用解析、候補パイオニア因子変異体の表現型解析を進める予定である。

7. 研究成果発表等の予定

論文発表予定

Evolutionary differentiation of androgen receptor ohnologs is responsible for the diversity of androgen-dependent sexual morphologies in Japanese medaka

投稿準備中

8. 備考

(注1) 記入例に沿って所属先機関名、部局名、職名、氏名を記載してください。

(注2) 研究会の場合は参加者リストを別紙(様式任意)として添付してください。

(注3) 共同利用研究分担者及び研究会参加者各位に、(注4)のとおり所属先機関名、部局名、職名、氏名が公開されることの下承を得てください。情報公開に関する承認が得られなかった場合、承認を得られなかった方の情報は報告書に記載しないようご注意ください。

(注4) 共同利用研究実施報告書は基礎生物学研究所のホームページ(<http://www.nibb.ac.jp/collabo/invite/invite.html>)に公開されます。公開できない内容は省略し、簡潔にご記入ください。

(注5) 1.～4.の情報に誤りがあった場合、担当係にて修正の上、自然科学共同利用・共同研究統括システム(NOUS) (<https://www.nins.jp/site/nous/>)に再アップロードしますのでご了承ください。

基礎生物学研究所共同利用研究実施報告書（2021年度）

2022年4月29日

基礎生物学研究所長 殿

（報告者）

所属：大阪公立大学 生活科学研究科

氏名：神谷 重樹

下記のとおり実施しましたので報告します。

記

1. 種別（いずれかをチェック☑してください。）

- ☐ 新規モデル生物開発共同利用研究
- ☒ 個別共同利用研究
- ☐ 統合ゲノミクス共同利用研究
- ☐ 統合イメージング共同利用研究
- ☐ 大型スペクトログラフ共同利用実験
- ☐ 生物遺伝資源新規保存技術開発共同利用研究
- ☐ 研究会
- ☐ トレーニングコース実施

2. 研究課題名

歯周病のメダカ感染モデル作製についての検討

3. 課題番号（審査結果通知書及び申請書に記載しています。）

21-204

4. 所内対応者

氏名：亀井 保博

（次ページに続く）

5. 共同利用研究分担者 (注1)(注2)(注3)

(記入例：自然大学大学院工学研究科 准教授 岡崎太郎)

- ・大阪府立大学 大学院総合リハビリテーション学研究科 M2 伊藤由佳子
- ・大阪府立大学 大学院総合リハビリテーション学研究科 M2 上木綾乃
- ・大阪府立大学 大学院総合リハビリテーション学研究科 M2 藤井智也
- ・大阪府立大学 大学院総合リハビリテーション学研究科 M1 彦坂結衣
- ・東北大学 大学院生命科学研究科 助教 安齋賢
- ・東京大学・大気海洋研究所 特任研究員 藤森千加

6. 研究成果の概要及び今後の展望

本研究はメダカ胚、幼生あるいは成魚を用いた歯周病及び関連疾患モデルを作製することが目的である。昨年度の研究に引き続き、メダカのヒト生活習慣モデルを用いた歯周病原細菌による重症化の検討することにした。ヒトにおいて歯周病との関連が示唆されている生活習慣病のうち、非アルコール性脂肪肝炎(NASH)および骨粗しょう症についてそれぞれの疾患モデルメダカに *P. gingivalis* を感染または LPS などの菌体成分をインジェクションして、合併症あるいは重症化を検討することにした。

1) NASH モデルメダカについて

3ヶ月齢の Cab を用いて、通常の餌あるいは高脂肪食を3ヶ月間給餌した。これらを3つのグループに分け、そのうちの2つにはそれぞれ異なった濃度の慢性歯周病現細菌 *P. gingivalis* の細菌膜成分リポポリサッカライド(Pg-LPS)を高脂肪食給餌と同時に週1回を腹腔注射し、これを1ヶ月続け、高脂肪食給餌3ヶ月後に麻酔下で解剖した。肝臓、腸管などを摘出し、病理染色、qPCR などで NASH 病態を解析したところ、高濃度 Pg-LPS 接種で肝臓肥大、脂肪滴が大きくなる傾向が見られた。また腸内細菌叢についても多様性の低下傾向が見られた。

2) 骨粗しょう症モデルメダカについて

昨年度に引き続き、*tph2* 遺伝子ノックアウト(KO)メダカを骨粗鬆症モデルとして利用可能か詳細な解析を行なった。マイクロ CT 解析から、野生型と比べて *tph2*KO 型で加齢により3ヶ月齢以降で顕著な背骨の変形が確認できた。また、骨カルシウム含量を調べたところ、6ヶ月例で *tph2*KO 型では野生型より低下していた。さらに Pg のベクターを用いた給餌方法を検討した。

7. 研究成果発表等の予定

- ・第76回日本栄養・食糧学会大会 シンポジウム「哺乳類以外のモデル生物を用いた栄養学研究の展開」、「メダカを用いた生活習慣病研究」神谷重樹 2022年6月11日(土)
- ・第76回日本栄養・食糧学会大会 一般講演「骨粗しょう症メダカの確立」彦坂悠衣 2022年6月12日(日)

8. 備考

(注1) 記入例に沿って所属先機関名、部局名、職名、氏名を記載してください。

(注2) 研究会の場合は参加者リストを別紙(様式任意)として添付してください。

(注3) 共同利用研究分担者及び研究会参加者各位に、(注4)のとおり所属先機関名、部局名、職名、氏名が公開されることので了承を得てください。情報公開に関する承認が得られなかった場合、承認を得られなかった方の情報は報告書に記載しないようご注意ください。

(注4) 共同利用研究実施報告書は基礎生物学研究所のホームページ(<http://www.nibb.ac.jp/collabo/invite/invite.html>)に公開されます。公開できない内容は省略し、簡潔にご記入ください。

(注5) 1.～4.の情報に誤りがあった場合、担当係にて修正の上、自然科学共同利用・共同研究統括システム(NOUS) (<https://www.nins.jp/site/nous/>)に再アップロードしますのでご了承ください。

2022 年 4 月 22 日

基礎生物学研究所長 殿

（報告者）
所属：長崎大学
氏名：服部 充

下記のとおり実施しましたので報告します。

記

1. 種別（いずれかをチェック☑してください。）

- ☐ 新規モデル生物開発共同利用研究
- ☒ 個別共同利用研究
- ☐ 統合ゲノミクス共同利用研究
- ☐ 統合イメージング共同利用研究
- ☐ 大型スペクトログラフ共同利用実験
- ☐ 生物遺伝資源新規保存技術開発共同利用研究
- ☐ 研究会
- ☐ トレーニングコース実施

2. 研究課題名

社会性アブラムシの兵隊カーストに関する生態進化発生学的研究

3. 課題番号（審査結果通知書及び申請書に記載しています。）

21-205

4. 所内対応者

氏名：重信 秀治

（次ページに続く）

5. 共同利用研究分担者 (注1)(注2)(注3)

(記入例：自然大学大学院工学研究科 准教授 岡崎太郎)

- ・長崎大学大学院水産・環境科学総合研究科 大学院生 須藤 啓
- ・九州大学比較社会文化研究院環境変動部門生物多様性講座 助教 小川 浩太

6. 研究成果の概要及び今後の展望

本研究では、アリ・ハチ類やシロアリ類で利他行動を調節している生体アミン類（ドーパミン、オクトパミン、セロトニン）に着目した。まず、それぞれの合成に係る遺伝子（TH、DDC、TDC、T β H、TPH）をコードする配列を、エンドウヒゲナガアブラムシ *Acyrtosiphon pisum* やキイロショウジョウバエ *Drosophila melanogaster* の遺伝子配列と比較する相同性検索によってササコナフキツノアブラムシのタンパク質コード配列から同定を試みた。次に、それらの遺伝子の発現量を、定量的逆転写ポリメラーゼ連鎖反応（RT-qPCR）によって測定し、それらを兵隊と1歳の生殖個体、2, 3歳の生殖個体の間で比較した。

相同性検索による配列比較の結果、TH 遺伝子、TDC 遺伝子、T β H 遺伝子、TPH 遺伝子でそれぞれ1つの類似した配列、DDC 遺伝子で2つの類似した配列（DDC1 遺伝子、DDC2 遺伝子）を同定できた。これらの遺伝子配列をもとに作成したプライマーを用いた RT-qPCR 法による遺伝子発現量の定量を行った結果、兵隊の TH 遺伝子の発現量は、1歳の生殖個体より8倍高く、2, 3歳の生殖個体より54倍高かった。一方で、兵隊の DDC 遺伝子（DDC1、DDC2）の発現量は、1歳の生殖個体と有意な差は見られなかったものの、2, 3歳の生殖個体よりも DDC1 遺伝子の発現量は6.8倍高く、DDC2 遺伝子の発現量は17倍高かった。加えて、兵隊の TDC 遺伝子と T β H 遺伝子の発現量は、1歳の生殖個体より1.8倍高かった。また、兵隊の TPH 遺伝子の発現量は、1歳の生殖個体と有意な差は見られなかった。

これらの結果から、ササコナフキツノアブラムシの兵隊の防衛行動が、オクトパミンによって制御されていることが強く示唆された。オクトパミンは、チロシンデカルボキシラーゼの産生に関わる TDC 遺伝子とチラミンベータヒドロキシラーゼの産生に関わる T β H 遺伝子によってチロシンから合成される。そのため、生殖個体と比較して TDC 遺伝子と T β H 遺伝子の発現量が高い兵隊においてオクトパミンの合成量が高いと考えられる。このことは、オクトパミンが節足動物全般で資源や交配相手をめぐる競争に関する行動に影響していることと矛盾しないだけでなく、アリ・ハチ類、シロアリ類における防衛行動がオクトパミンによって制御を受けていることからその可能性が強く考えられた。

一方で、オクトパミン以外の生体アミン類（ドーパミン、セロトニン）はササコナフキツノアブラムシの兵隊の防衛行動を制御していないことが示唆された。ドーパミンは、チロシンヒドロキシラーゼの産生に関わる TH 遺伝子とドーパデカルボキシラーゼの産生に関わる DDC 遺伝子によってチロシンから合成される。そのため、DDC 遺伝子の発現量に差がみられない兵隊と1歳の生殖個体のドーパミン合成量は同程度であると考えられる。しかし、兵隊と1歳の生殖個体の DDC 遺伝子の発現量が2, 3歳の生殖個体より高いことは、ドーパミンがササコナフキツノアブラムシの防衛行動とは異なる行動と

関連していることが示唆された。これは、ドーパミンが生物全般でその活動性に影響しており、ササコナフキツノアブラムシでも兵隊や1 齢の生殖個体の高い行動性に影響を受けた可能性が強く考えられた。また、セロトニンは、トリプトファンヒドロキシラーゼの産生に関わる TPH 遺伝子によってトリプトファンから合成される。そのため、TPH 遺伝子の発現量に差が見られない兵隊と1 齢の生殖個体の合成量は同程度であると考えられるため本種の防衛行動にセロトニンが影響していないことが強く示唆された。これは、セロトニンが生物一般において激しい闘争行動への発展に影響するものの、ササコナフキツノアブラムシの兵隊が複雑な防衛行動を示さないことから、その合成量が兵隊と生殖個体の間で異ならなかったと考えられる。

本研究では、ササコナフキツノアブラムシの兵隊の利他行動に影響する生体アミン類を、その合成に係る遺伝子の発現量をカースト間で比較することで明らかにした。しかし、本研究で用いた RT-qPCR による間接定量は、実際の生体内の生体アミン量を正確には反映していない。これは、合成遺伝子の発現によって生体アミンが生成、蓄積することで行動が発露するため、遺伝子の発現から行動が発現するまでの間に時間的なずれがあるからである。そのため、高速液体クロマトグラフィー (HPLC) を用いた生体アミンの直接定量も行う必要がある。そうすることで、生体アミン類の合成過程にある遺伝子の発現量と生体内の直接的な生体アミン類の量を比較が可能になり、真社会性アブラムシにおける利他行動と生体アミン類の関連性を、更に深く理解することができるはずである。

7. 研究成果発表等の予定

一連の研究成果は、日本生態学会第 69 回大会 (P1-098 真社会性アブラムシ、ササコナフキツノアブラムシにおける防衛行動を制御する生体アミン類の合成に関連する遺伝子発現のカースト比較, 須藤啓, 頼本隼汰, 重信秀治, 服部充) において発表済みであるとともに、展望で述べた HPLC 解析を行った後に昆虫生理学の国際誌に投稿予定である。

8. 備考

(注 1) 記入例に沿って所属先機関名、部局名、職名、氏名を記載してください。

(注 2) 研究会の場合は参加者リストを別紙 (様式任意) として添付してください。

(注 3) 共同利用研究分担者及び研究会参加者各位に、(注 4) のとおり所属先機関名、部局名、職名、氏名が公開されることのできることを了承してください。情報公開に関する承認が得られなかった場合、承認を得られなかった方の情報は報告書に記載しないようご注意ください。

(注 4) 共同利用研究実施報告書は基礎生物学研究所のホームページ (<http://www.nibb.ac.jp/collabo/invite/invite.html>) に公開されます。公開できない内容は省略し、簡潔にご記入ください。

(注 5) 1. ~ 4. の情報に誤りがあった場合、担当係にて修正の上、自然科学共同利用・共同研究統括システム (NOUS) (<https://www.nins.jp/site/nous/>) に再アップロードしますのでご了承ください。

2022 年 5 月 31 日

基礎生物學研究所長 殿

（報告者）

所属：早稲田大学 教育・総合科学学術院

氏名：加藤尚志

下記のとおり実施しましたので報告します。

記

1. 種別（いずれかをチェック☑してください。）

- ☐ 新規モデル生物開発共同利用研究
- ☒ 個別共同利用研究
- ☐ 統合ゲノミクス共同利用研究
- ☐ 統合イメージング共同利用研究
- ☐ 大型スペクトログラフ共同利用実験
- ☐ 生物遺伝資源新規保存技術開発共同利用研究
- ☐ 研究会
- ☐ トレーニングコース実施

2. 研究課題名

メダカにおける血球の分化と機能および造血制御に関する解析

3. 課題番号（審査結果通知書及び申請書に記載しています。）

21-206

4. 所内対応者

氏名：成瀬清 特任教授

（次ページに続く）

5. 共同利用研究分担者 (注1)(注2)(注3)

(記入例：自然大学大学院工学研究科 准教授 岡崎太郎)

- ・早稲田大学大学院先進理工学研究科 博士学生 小川斐女
- ・早稲田大学大学院先進理工学研究科 修士学生 松本岳

6. 研究成果の概要及び今後の展望

本研究では、哺乳類で好中球産生を促進する造血因子とされる顆粒球コロニー刺激因子 (G-CSF) がメダカではどのような機能をもつのかを明らかにすることを目的としている。

これまで、作出した G-CSF ホモ欠損メダカでは致死率が高く、解析が難しかったことから成魚の G-CSF ヘテロ欠損メダカでのみ血液学的表現型の解析を行ってきた。しかし、孵化酵素 (NBRP Medaka より提供) を使用することで孵化前の胚の表現型解析が可能になるのではと考え、野生型のメダカで検討を行った。その結果、孵化酵素処理を施した胚でヘモグロビンを検出する α -ジアニシジン染色をすることで胚での表現型解析が可能になった。現在、G-CSF 欠損メダカでの胚の表現型解析を進めている。

今後の展望としては、メダカ G-CSF の造血作用だけでなく非造血作用についても解明していく。G-CSF は筋損傷の修復作用にも関与することがマウスで報告されている (Hara *et al.*, J Exp. Med, 2011)。遅筋を蛍光ラベルしたメダカを用いて、G-CSF の欠損による筋損傷時の修復への影響や、筋修復時の細胞の動態を観察する。

7. 研究成果発表等の予定

2022 年度は 51st 国際実験血液学会 (International Society for Experimental Hematology), 第 93 回動物学会早稲田大会にて発表予定である。

また、本課題に関連する成果を国際誌へ論文投稿予定である。

8. 備考

本年度は新型コロナウイルス感染症拡大による移動制限のため、当初予定していた基礎生物学研究所への来所が叶わなかった。

メールやオンラインミーティングによる協議と情報交換を行って共同研究を継続した。

(注1) 記入例に沿って所属先機関名、部局名、職名、氏名を記載してください。

(注2) 研究会の場合は参加者リストを別紙 (様式任意) として添付してください。

(注3) 共同利用研究分担者及び研究会参加者各位に、(注4) のとおり所属先機関名、部局名、職名、氏名が公開されることのできることを了承してください。情報公開に関する承認が得られなかった場合、承認を得られなかった方の情報は報告書に記載しないようご注意ください。

(注4) 共同利用研究実施報告書は基礎生物学研究所のホームページ (<http://www.nibb.ac.jp/collabo/invite/invite.html>) に公開されます。公開できない内容は省略し、簡潔にご記入ください。

(注5) 1. ~ 4. の情報に誤りがあった場合、担当係にて修正の上、自然科学共同利用・共同研究統括システム (NOUS) (<https://www.nins.jp/site/nous/>) に再アップロードしますのでご了承ください。

2022 年 5 月 30 日

基礎生物學研究所長 殿

（報告者）

所属：北海道大学大学院薬学研究院

氏名：横井 佐織

下記のとおり実施しましたので報告します。

記

1. 種別（いずれかをチェック☑してください。）

- ☐ 新規モデル生物開発共同利用研究
- ☒ 個別共同利用研究
- ☐ 統合ゲノミクス共同利用研究
- ☐ 統合イメージング共同利用研究
- ☐ 大型スペクトログラフ共同利用実験
- ☐ 生物遺伝資源新規保存技術開発共同利用研究
- ☐ 研究会
- ☐ トレーニングコース実施

2. 研究課題名

メダカを用いた長鎖ノンコーディング RNA の生理機能解析

3. 課題番号（審査結果通知書及び申請書に記載しています。）

21-207

4. 所内対応者

氏名：

成瀬 清 特任教授

（次ページに続く）

5. 共同利用研究分担者 (注1)(注2)(注3)

(記入例：自然大学大学院工学研究科 准教授 岡崎太郎)

- ・北海道大学薬学部 学部学生 長森光紀
- ・北海道大学薬学部 学部学生 正木佑芽
- ・北海道大学大学院薬学研究院 大学院生 田中豪
- ・北海道大学薬学部 学部学生 櫻井玖美
- ・北海道大学薬学部 学部学生 長谷川真耶

6. 研究成果の概要及び今後の展望

機能性 lncRNA 候補である#16 遺伝子であったが、リボソームプロファイリングの結果から、ショートペプチドをコードすることが判明した。近年、lncRNA 予測されていたが実は翻訳される遺伝子が報告されており、生体で重要な機能をもつと考えられている。#16 についても変異体を作製し、行動に異常が検出されるか検証を行う。

7. 研究成果発表等の予定

UPA-seq-based search method for functional lncRNA candidates. Saori Yokoi*, Shinichi Nakagawa (*:corresponding author), *Methods in Molecular Biology*, in press

8. 備考

(注1) 記入例に沿って所属先機関名、部局名、職名、氏名を記載してください。

(注2) 研究会の場合は参加者リストを別紙(様式任意)として添付してください。

(注3) 共同利用研究分担者及び研究会参加者各位に、(注4)のとおり所属先機関名、部局名、職名、氏名が公開されることので了承を得てください。情報公開に関する承認が得られなかった場合、承認を得られなかった方の情報は報告書に記載しないようご注意ください。

(注4) 共同利用研究実施報告書は基礎生物学研究所のホームページ (<http://www.nibb.ac.jp/collabo/invite/invite.html>) に公開されます。公開できない内容は省略し、簡潔にご記入ください。

(注5) 1. ～ 4. の情報に誤りがあった場合、担当係にて修正の上、自然科学共同利用・共同研究統括システム(NOUS) (<https://www.nins.jp/site/nous/>) に再アップロードしますのでご了承ください。

2022 年 5 月 30 日

基礎生物学研究所長 殿

（報告者）

所属：静岡大学農学部

氏名：富永晃好

下記のとおり実施しましたので報告します。

記

1. 種別（いずれかをチェック☑してください。）

- ☐ 新規モデル生物開発共同利用研究
- ☒ 個別共同利用研究
- ☐ 統合ゲノミクス共同利用研究
- ☐ 統合イメージング共同利用研究
- ☐ 大型スペクトログラフ共同利用実験
- ☐ 生物遺伝資源新規保存技術開発共同利用研究
- ☐ 研究会
- ☐ トレーニングコース実施

2. 研究課題名

ツツジ科スノキ属ナガボナツハゼの絶滅回避に向けた菌根菌共生メカニズムの解明

3. 課題番号（審査結果通知書及び申請書に記載しています。）

21-208

4. 所内対応者

氏名：川口 正代司

（次ページに続く）

5. 共同利用研究分担者 (注1)(注2)(注3)

(記入例：自然大学大学院工学研究科 准教授 岡崎太郎)

- ・基礎生物学研究所 研究員 小林 裕樹
- ・基礎生物学研究所 准教授 征矢野 敬

6. 研究成果の概要及び今後の展望

ナガボナツハゼはツツジ科スノキ属の落葉低木樹であり、ベリー類の育種素材として重要である。しかしながら現在、ナガボナツハゼは絶滅危惧 IA 類に指定されており、生存数が減少した要因の解明が喫緊の課題となっている。この要因を検証するにあたり、ナガボナツハゼがアカマツの周辺に生息する生態学的特徴と、ツツジ科とマツ科植物が代表的な菌根菌共生植物である点に着目した。すなわち、ナガボナツハゼとアカマツが土壤中で共通する菌根菌を介して共存しているのではないかと考えた。本研究では、ナガボナツハゼの絶滅危機を回避するための基礎的知見を得ることを目的とし、自生地と人工栽培条件下におけるナガボナツハゼとアカマツの菌根菌共生メカニズムの解析を行った。

自生地と自生地混植区（人工栽培条件）のナガボナツハゼの根において、低頻度ではあるものの外生様菌根が確認された。ツツジ科植物はツツジ型菌根と呼ばれる内生菌根が一般的であり、ツツジ科で外生様菌根が見られる事例は、ベニバナイチヤクソウやギンリョウソウ等の菌従属栄養性植物のみである。また、アカマツと混植した自生地混植区のナガボナツハゼにおいて、12 個体のうち 3 個体で外生様菌根が確認され、これらの個体は菌根なしの個体よりも展葉数が多く生育が良かった。このことから、ナガボナツハゼはアカマツと混植することで外生様菌根を形成し、ナガボナツハゼにとって生育促進につながる重要な現象であると考えられた。

自生地と自生地混植区におけるナガボナツハゼとアカマツの根系で検出された共通菌根菌は、ツツジ型菌根菌として知られる *Helotiales* 目と、外生菌根菌として知られる *Tomentella* 属、*Cenococcum* 属および *Suillus* 属の菌であり、土壤中の上位を占める菌と一致していた。これらの共通菌根菌について分子系統樹解析を行った結果、*Cenococcum* 属以外の菌はナガボナツハゼとアカマツで同じクラスターに位置し、両植物は根において *Helotiales* 目、*Tomentella* 属および *Suillus* 属の同系統の菌と共生している可能性が考えられた。

以上より、ナガボナツハゼとアカマツは複数の共通菌根菌と共生し、外生様菌根を形成することが明らかになった。また、ナガボナツハゼの生育には外生様菌根形成の影響が大きく、菌根形成に適切な条件を明らかにすることが絶滅危機を回避するために重要であると考えられた。今後、本研究の知見を基にしたナガボナツハゼの生育促進技術の確立が待たれる。

7. 研究成果発表等の予定

本研究成果は、学会発表および国際誌に公表予定である。

8. 備考

(注1) 記入例に沿って所属先機関名、部局名、職名、氏名を記載してください。

(注2) 研究会の場合は参加者リストを別紙(様式任意)として添付してください。

(注3) 共同利用研究分担者及び研究会参加者各位に、(注4)のとおり所属先機関名、部局名、職名、氏名が公開されることの下承を得てください。情報公開に関する承認が得られなかった場合、承認を得られなかった方の情報は報告書に記載しないようご注意ください。

(注4) 共同利用研究実施報告書は基礎生物学研究所のホームページ(<http://www.nibb.ac.jp/collabo/invite/invite.html>)に公開されます。公開できない内容は省略し、簡潔にご記入ください。

(注5) 1.～4.の情報に誤りがあった場合、担当係にて修正の上、自然科学共同利用・共同研究統括システム(NOUS) (<https://www.nins.jp/site/nous/>)に再アップロードしますのでご了承ください。

2022 年 5 月 20 日

基礎生物學研究所長 殿

（報告者）

所属： 岡山大学 資源植物科學研究所

氏名： 池田陽子

下記のとおり実施しましたので報告します。

記

1. 種別（いずれかをチェック☑してください。）

- ☐ 新規モデル生物開発共同利用研究
- ☒ 個別共同利用研究
- ☐ 統合ゲノミクス共同利用研究
- ☐ 統合イメージング共同利用研究
- ☐ 大型スペクトログラフ共同利用実験
- ☐ 生物遺伝資源新規保存技術開発共同利用研究
- ☐ 研究会
- ☐ トレーニングコース実施

2. 研究課題名

CRISPR/dCas9 を用いたエピゲノム編集による育種法の開発

3. 課題番号（審査結果通知書及び申請書に記載しています。）

21-209

4. 所内対応者

氏名： 星野 敦

（次ページに続く）

5. 共同利用研究分担者 (注1)(注2)(注3)

- ・長岡技術科学大学大学院 工学研究科 准教授 西村 泰介
- ・岡山大学 資源植物科学研究所 准教授 長岐 清孝
- ・愛媛大学 大学院農学研究科 准教授 賀屋 秀隆
- ・長岡技術科学大学大学院 工学研究科 黒澤 和
- ・長岡技術科学大学大学院 工学研究科 若林 荘太郎
- ・愛媛大学 大学院農学研究科 平田 峻也
- ・愛媛大学 農学部 大河 優奈

6. 研究成果の概要及び今後の展望

エピゲノム編集による新しい植物育種法を開発するため、DNA メチル化修飾を改変するためのベクター開発を行ってきた。本年度は、昨年度同様、新型コロナウイルスの影響により、基礎生物学研究所を訪問して研究打ち合わせや実験を行うことができなかったが、研究参加者間で Web 会議を複数回行い、さらにメールにて密に情報交換を行い、必要な情報を共有しながら各所属機関にて可能な実験を行う形で共同研究を遂行した。本共同研究に基づく情報交換の過程で生まれた新たな業績として”Nagaki K, Furuta T, Yamaji N, Kuniyoshi D, Ishihara M, Kishima Y, Murata M, Hoshino A, Takatsuka H. Effectiveness of Create ML in microscopy image classifications: a simple and inexpensive deep learning pipeline for non-data scientists. Chromosome Res. 2021 Dec;29(3-4):361-371”を発表した。昨年までの本共同研究において、動物で DNA メチル化編集の際に高効率で機能することが報告されている化膿レンサ球菌 Nickase 変異型 nCas9(SpCas9-D10A)を用い、シロイヌナズナにおいて DNA 脱メチル化を誘導することに成功した。本年度は SpCas9-D10A と、哺乳類などで報告された DNA 脱メチル化酵素 TET1、あるいはシロイヌナズナの DNA メチル化酵素 DRM2 の組み合わせにより、それぞれターゲット sgRNA 領域付近に特異的な DNA 脱メチル化/ DNA メチル化が誘導できることを、シロイヌナズナの形質転換後代において確認した。これまで DNA メチル化修飾の改変には目的の領域特異的に Cas9 を多数局在させるためのタグなどが必要とされてきたが、SpCas9-D10A はタグなどの付加なしに DNA 脱メチル化の編集を可能とすることが明らかになってきた。これらの内容について平田らが、日本植物学会第 85 回大会、日本植物生理学会第 63 回大会で発表を行った。今後は、引き続き他のターゲット遺伝子に対する効果や他の植物に対象を広げて有効性を検討することを計画している。

7. 研究成果発表等の予定

今後も、成果を学会等で発表する一方、効率的なエピゲノム編集法を確立し、解析データが揃った段階で原著論文を投稿予定である。

8. 備考

(注1) 記入例に沿って所属先機関名、部局名、職名、氏名を記載してください。

（注２） 研究会の場合は参加者リストを別紙（様式任意）として添付してください。

（注３） 共同利用研究分担者及び研究会参加者各位に、（注４）のとおり所属先機関名、部局名、職名、氏名が公開されることので了承を得てください。情報公開に関する承認が得られなかった場合、承認を得られなかった方の情報は報告書に記載しないようご注意ください。

（注４） 共同利用研究実施報告書は基礎生物学研究所のホームページ（<http://www.nibb.ac.jp/collabo/invite/invite.html>）に公開されます。公開できない内容は省略し、簡潔にご記入ください。

（注５） １．～４．の情報に誤りがあった場合、担当係にて修正の上、自然科学共同利用・共同研究統括システム(NOUS)（<https://www.nins.jp/site/nous/>）に再アップロードしますのでご了承ください。

2022 年 6 月 1 日

基礎生物學研究所長 殿

（報告者）

所属：広島大学両生類研究センター

氏名：井川 武

下記のとおり実施しましたので報告します。

記

1. 種別（いずれかをチェック☑してください。）

- ☐ 新規モデル生物開発共同利用研究
- ☒ 個別共同利用研究
- ☐ 統合ゲノミクス共同利用研究
- ☐ 統合イメージング共同利用研究
- ☐ 大型スペクトログラフ共同利用実験
- ☐ 生物遺伝資源新規保存技術開発共同利用研究
- ☐ 研究会
- ☐ トレーニングコース実施

2. 研究課題名

リュウキュウカジカガエルの高温耐性獲得に関わる HSF1 の分子進化及び機能解析

3. 課題番号（審査結果通知書及び申請書に記載しています。）

21-210

4. 所内対応者

氏名：亀井保博

（次ページに続く）

5. 共同利用研究分担者 (注1)(注2)(注3)

(記入例：自然大学大学院工学研究科 准教授 岡崎太郎)

- ・ 広島大学両生類研究センター 教授 荻野肇
- ・ 広島大学両生類研究センター 技術員 鈴木菜花
- ・
- ・

6. 研究成果の概要及び今後の展望

提案者らは生物の高温適応の実態とその分子遺伝学的基盤を解明するため、トカラ列島・口之島の天然温泉に生息するリュウキュウカジカガエルの高温応答遺伝子、HSF1 遺伝子に着目して研究を行っている。

HSF1 遺伝子座の全貌を解明するため、今年度も引き続きリュウキュウカジカガエル及び、カジカガエルの全ゲノムシーケンセスを行い、今年度は 80 Gb～110 Gb 程度の MinION によるロングデータと既存のショートリードデータを用いてアセンブルを行った。その結果、Scaffold 長の N50 値で 1 Mbp を越えるゲノムデータが得られた。

新型コロナ感染防止の観点から今年度も訪問が叶わなかったが、最終的にゲノムデータと遺伝子発現データ、亀井特任准教授、坂本特任助教らによる機能解析データを合わせて、二種における HSF 遺伝子及び、高温耐性関連遺伝子のゲノム上での発現調節部位や種間の違いについて解析を行い、種間の温度適応能の違いをもたらす分子遺伝学的基盤を明らかにしたいと考えている。

7. 研究成果発表等の予定

第 93 回日本動物学会 (2022 年 9 月 8 日～10 日 早稲田大学) にて成果発表予定。

8. 備考

(注1) 記入例に沿って所属先機関名、部局名、職名、氏名を記載してください。

(注2) 研究会の場合は参加者リストを別紙 (様式任意) として添付してください。

(注3) 共同利用研究分担者及び研究会参加者各位に、(注4) のとおり所属先機関名、部局名、職名、氏名が公開されることのできることを了承してください。情報公開に関する承認が得られなかった場合、承認を得られなかった方の情報は報告書に記載しないようご注意ください。

(注4) 共同利用研究実施報告書は基礎生物学研究所のホームページ (<http://www.nibb.ac.jp/collabo/invite/invite.html>) に公開されます。公開できない内容は省略し、簡潔にご記入ください。

(注5) 1. ～ 4. の情報に誤りがあった場合、担当係にて修正の上、自然科学共同利用・共同研究統括システム (NOUS) (<https://www.nins.jp/site/nous/>) に再アップロードしますのでご了承ください。

2022 年 4 月 4 日

基礎生物學研究所長 殿

（報告者）

所属：東京理科大学先進工学部

氏名：宮川信一

下記のとおり実施しましたので報告します。

記

1. 種別（いずれかをチェック☑してください。）

- ☐ 新規モデル生物開発共同利用研究
- ☒ 個別共同利用研究
- ☐ 統合ゲノミクス共同利用研究
- ☐ 統合イメージング共同利用研究
- ☐ 大型スペクトログラフ共同利用実験
- ☐ 生物遺伝資源新規保存技術開発共同利用研究
- ☐ 研究会
- ☐ トレーニングコース実施

2. 研究課題名

発生期のホルモン環境に依存する生殖器の発達

3. 課題番号（審査結果通知書及び申請書に記載しています。）

21-211

4. 所内対応者

氏名：渡辺 英治

（次ページに続く）

5. 共同利用研究分担者 (注1)(注2)(注3)

(記入例：自然大学大学院工学研究科 准教授 岡崎太郎)

- ・東京理科大学 大学院生 妹尾衣里子
- ・東京理科大学 大学院生 長谷川真子
- ・東京理科大学 大学院生 田中恒星
- ・東京理科大学 学部学生 五嶋龍稀
- ・東京理科大学 学部学生 溝口ひかり

6. 研究成果の概要及び今後の展望

本共同研究は、胚発生期のホルモン環境に依存するマウス外生殖器の形態を定量的に評価することを目的としている。正常なマウスと、胎児期に様々なホルモン投与（アンドロゲンやアンドロゲン受容体阻害剤、エストロゲン類など）を行ったマウスの外生殖器を、基礎生物学研究所に設置しているCT スキャン装置を利用して定量的に解析した。造影剤にはヨウ化カリウムを用いて、データ解析はOsiriXソフトウェアを利用した。昨年度に引き続き、ホルモン濃度などの投与条件を増やして解析を行い、外生殖器の雄化や雌化の形成異常の程度を各種パラメータごとに統計的に定量化している。今年度はRNA シークエンス解析を中心に解析をすすめ、外生殖器をオス化あるいはメス化する条件で発現が変動する遺伝子情報を取得した。来年度は、CT によるマウス外生殖器の表現型および各種性分化の度合いに関連するパラメーターと、今年度得られた発生期のホルモンに依存して発現変動する遺伝子の連関解析をおこなう。

7. 研究成果発表等の予定

クサガメの発生時系列 RNA-seq データおよびアカミミガメの性分化における代謝産物の影響解析について成果をまとめ、来年度中の論文投稿を目指す。

8. 備考

(注1) 記入例に沿って所属先機関名、部局名、職名、氏名を記載してください。

(注2) 研究会の場合は参加者リストを別紙(様式任意)として添付してください。

(注3) 共同利用研究分担者及び研究会参加者各位に、(注4)のとおり所属先機関名、部局名、職名、氏名が公開されることのできることを了承してください。情報公開に関する承認が得られなかった場合、承認を得られなかった方の情報は報告書に記載しないようご注意ください。

(注4) 共同利用研究実施報告書は基礎生物学研究所のホームページ(<http://www.nibb.ac.jp/collabo/invite/invite.html>)に公開されます。公開できない内容は省略し、簡潔にご記入ください。

(注5) 1. ～ 4. の情報に誤りがあった場合、担当係にて修正の上、自然科学共同利用・共同研究統括システム(NOUS) (<https://www.nins.jp/site/nous/>)に再アップロードしますのでご了承ください。

基礎生物学研究所長 殿

（報告者）

所属：お茶の水女子大学

氏名：加藤 美砂子

下記のとおり実施しましたので報告します。

記

1. 種別（いずれかをチェック☑してください。）

- ☐ 新規モデル生物開発共同利用研究
- ☒ 個別共同利用研究
- ☐ 統合ゲノミクス共同利用研究
- ☐ 統合イメージング共同利用研究
- ☐ 大型スペクトログラフ共同利用実験
- ☐ 生物遺伝資源新規保存技術開発共同利用研究
- ☐ 研究会
- ☐ トレーニングコース実施

2. 研究課題名

植物二次代謝の多様性を支えるメチルトランスフェラーゼの分子進化

3. 課題番号（審査結果通知書及び申請書に記載しています。）

21-212

4. 所内対応者

氏名： 上田 貴志

（次ページに続く）

5. 共同利用研究分担者 (注1)(注2)(注3)

(記入例：自然大学大学院工学研究科 准教授 岡崎太郎)

- ・
- ・
- ・
- ・

6. 研究成果の概要及び今後の展望

植物の二次代謝に関与するモチーフ B'メチルトランスフェラーゼの遺伝子の分子進化を調べるために、ゼニゴケ (*Marchantia polymorpha*) に存在する 11 個のモチーフ B'メチルトランスフェラーゼ遺伝子に着目した。それぞれの遺伝子発現をゲノム編集によって抑制した変異体、ならびに過剰発現させた変異体の作出を行なった。野生型と比較して、表現型に明確な特徴が認められなかったため、二重変異体の作出を試み、ジェノタイピングを行っている。並行して、大腸菌を用いてゼニゴケ由来の 2 種のモチーフ B'メチルトランスフェラーゼを発現させ、組換え型酵素を作出した。¹⁴C-SAM をメチル基供与体とし、メチル基を受容する基質の探索を行った。その結果、本酵素はプリンアルカロイドに対するメチル化活性を有しなかった。また、サリチル酸、ジャスモン酸等の植物の成長調節物質に対するメチル化活性も示さなかった。今後は、ゼニゴケに存在する低分子化合物を抽出し、メチル化活性を評価する予定である。

7. 研究成果発表等の予定

なし

8. 備考

(注1) 記入例に沿って所属先機関名、部局名、職名、氏名を記載してください。

(注2) 研究会の場合は参加者リストを別紙(様式任意)として添付してください。

(注3) 共同利用研究分担者及び研究会参加者各位に、(注4)のとおり所属先機関名、部局名、職名、氏名が公開されることの下承を得てください。情報公開に関する承認が得られなかった場合、承認を得られなかった方の情報は報告書に記載しないようご注意ください。

(注4) 共同利用研究実施報告書は基礎生物学研究所のホームページ (<http://www.nibb.ac.jp/collabo/invite/invite.html>) に公開されます。公開できない内容は省略し、簡潔にご記入ください。

(注5) 1. ～ 4. の情報に誤りがあった場合、担当係にて修正の上、自然科学共同利用・共同研究統括システム(NOUS) (<https://www.nins.jp/site/nous/>) に再アップロードしますのでご了承ください。

基礎生物學研究所共同利用研究実施報告書（2021 年度）

2022 年 3 月 31 日

基礎生物學研究所長 殿

（報告者）

所属： 九州大学大学院農學研究院

氏名： 謝 家暉

下記のとおり実施しましたので報告します。

記

1. 種別（いずれかをチェック☑してください。）

- ☐ 新規モデル生物開発共同利用研究
- ☒ 個別共同利用研究
- ☐ 統合ゲノミクス共同利用研究
- ☐ 統合イメージング共同利用研究
- ☐ 大型スペクトログラフ共同利用実験
- ☐ 生物遺伝資源新規保存技術開発共同利用研究
- ☐ 研究会
- ☐ トレーニングコース実施

2. 研究課題名

The role of *polr1c* in regulating endodermal cells in Type 3 Treacher Collins syndrome

3. 課題番号（審査結果通知書及び申請書に記載しています。）

21-213

4. 所内対応者

氏名： 高田 慎治

（次ページに続く）

5. 共同利用研究分担者 (注1)(注2)(注3)

(記入例：自然大学大学院工学研究科 准教授 岡崎太郎)

- ・ 分子発生学研究部門 教授 高田 慎治
- ・ 分子発生学研究部門 助教 矢部 泰二郎
- ・
- ・

6. 研究成果の概要及び今後の展望

新型コロナウイルスの影響により、予定していた研究を実施できなかったため、本研究課題を2022年度にも継続して申請することとし、所内対応者と連絡を取りつつ必要な準備を進めた。実験内容や今後のスケジュールについて所内対応者との打ち合わせを電子メールで行った。

A paper with the funding acknowledgement is published.

[1] ZS. Ulhaq, and **WKF. Tse***, A brief analysis of proteomic profile changes during zebrafish regeneration. *Biomolecules*, 12, 35. 2022.

7. 研究成果発表等の予定

We expect to have one to two research papers in the coming one or two years.

8. 備考

N/A

(注1) 記入例に沿って所属先機関名、部局名、職名、氏名を記載してください。

(注2) 研究会の場合は参加者リストを別紙(様式任意)として添付してください。

(注3) 共同利用研究分担者及び研究会参加者各位に、(注4)のとおり所属先機関名、部局名、職名、氏名が公開されることのできることを了承してください。情報公開に関する承認が得られなかった場合、承認を得られなかった方の情報は報告書に記載しないようご注意ください。

(注4) 共同利用研究実施報告書は基礎生物学研究所のホームページ(<http://www.nibb.ac.jp/collabo/invite/invite.html>)に公開されます。公開できない内容は省略し、簡潔にご記入ください。

(注5) 1. ~ 4. の情報に誤りがあった場合、担当係にて修正の上、自然科学共同利用・共同研究統括システム(NOUS) (<https://www.nins.jp/site/nous/>)に再アップロードしますのでご了承ください。

2022 年 5 月 10 日

基礎生物學研究所長 殿

（報告者）

所属：新潟大學理學部

氏名：西川周一

下記のとおり実施しましたので報告します。

記

1. 種別（いずれかをチェック☑してください。）

- ☐ 新規モデル生物開発共同利用研究
- ☐ 個別共同利用研究
- ☐ 統合ゲノミクス共同利用研究
- ☒ 統合イメージング共同利用研究
- ☐ 大型スペクトログラフ共同利用実験
- ☐ 生物遺伝資源新規保存技術開発共同利用研究
- ☐ 研究会
- ☐ トレーニングコース実施

2. 研究課題名

雌性配偶体特異的遺伝子発現誘導系を用いたシロイヌナズナ極核融合機構の解析

3. 課題番号（審査結果通知書及び申請書に記載しています。）

21-214

4. 所内対応者

氏名：亀井保博

（次ページに続く）

5. 共同利用研究分担者 (注1)(注2)(注3)

(記入例：自然大学大学院工学研究科 准教授 岡崎太郎)

- ・
- ・
- ・
- ・

6. 研究成果の概要及び今後の展望

被子植物の有性生殖過程では、重複受精の際に観察される2回の精核融合と、雌性配偶体形成過程で観察される極核融合の、合計3回の核融合が観察される。われわれは、極核融合因子の新たな機能解析系として、雌性配偶体特異的な遺伝子発現誘導系を構築し、これを用いて核内膜のSUNタンパク質が極核融合に関与していることを示した。極核融合過程は、極核の移動と核膜融合の過程からなる。本年度は、極核の移動前から遺伝子の発現誘導と核動態の解析が可能な実験系を構築した。これを用いてSUNタンパク質に関する優性欠損変異体の発現を誘導することで、極核融合が阻害されることを確認した。また、この実験系を用いてアクチンの優性欠損変異体の発現が誘導可能な形質転換植物も作製した。

今後は、IR・LEGOによる発現誘導と極核融合過程のライブイメージング解析を行い、極核の移動におけるSUNタンパク質とアクチンの役割の検討を進める。

7. 研究成果発表等の予定

結果がまとまり次第、学会での報告を行うとともに、論文での発表を目指す。

8. 備考

(注1) 記入例に沿って所属先機関名、部局名、職名、氏名を記載してください。

(注2) 研究会の場合は参加者リストを別紙(様式任意)として添付してください。

(注3) 共同利用研究分担者及び研究会参加者各位に、(注4)のとおり所属先機関名、部局名、職名、氏名が公開されることのできることを了承してください。情報公開に関する承認が得られなかった場合、承認を得られなかった方の情報は報告書に記載しないようご注意ください。

(注4) 共同利用研究実施報告書は基礎生物学研究所のホームページ(<http://www.nibb.ac.jp/collabo/invite/invite.html>)に公開されます。公開できない内容は省略し、簡潔にご記入ください。

(注5) 1.～4.の情報に誤りがあった場合、担当係にて修正の上、自然科学共同利用・共同研究統括システム(NOUS)(<https://www.nins.jp/site/nous/>)に再アップロードしますのでご了承ください。

基礎生物学研究所長 殿

（報告者）

所属：甲南大学 理工学部 生物学科

氏名：後藤 彩子

下記のとおり実施しましたので報告します。

記

1. 種別（いずれかをチェック☑してください。）

- ☐ 新規モデル生物開発共同利用研究
- ☒ 個別共同利用研究
- ☐ 統合ゲノミクス共同利用研究
- ☐ 統合イメージング共同利用研究
- ☐ 大型スペクトログラフ共同利用実験
- ☐ 生物遺伝資源新規保存技術開発共同利用研究
- ☐ 研究会
- ☐ トレーニングコース実施

2. 研究課題名

女王アリの長期間にわたる大量の精子貯蔵メカニズムの解明

3. 課題番号（審査結果通知書及び申請書に記載しています。）

21-215

4. 所内対応者

氏名：新美 輝幸 教授

（次ページに続く）

5. 共同利用研究分担者 (注1)(注2)(注3)

(記入例：自然大学大学院工学研究科 准教授 岡崎太郎)

- ・甲南大学理工学部生物学科 准教授 後藤彩子

6. 研究成果の概要及び今後の展望

女王アリは羽化後まもない時期にしか交尾しないため、10年以上にもわたる寿命の間、精子を精子貯蔵器官「受精嚢」に貯蔵する。本研究では、この長期間にわたる精子貯蔵メカニズムを明らかにするために、キイロシリアゲアリ (*Crematogaster osakensis*)女王を材料として用い、受精嚢で高発現している遺伝子を RNA 干渉法によりノックダウンし、精子貯蔵に重要な遺伝子をスクリーニングすることを目的としていた。しかし、2021 年度の共同利用でも、コロナ禍で研究所を訪問することが難しかった。今後は、RNAi 法ではなく、ゲノム編集法の確立も視野に入れるため、所内対応者である新美輝幸教授と意見をかわした。

7. 研究成果発表等の予定

すぐに論文としてまとめることは難しい内容であるため、発表は未定である。

8. 備考

(注1) 記入例に沿って所属先機関名、部局名、職名、氏名を記載してください。

(注2) 研究会の場合は参加者リストを別紙(様式任意)として添付してください。

(注3) 共同利用研究分担者及び研究会参加者各位に、(注4)のとおり所属先機関名、部局名、職名、氏名が公開されることのできることを了承してください。情報公開に関する承認が得られなかった場合、承認を得られなかった方の情報は報告書に記載しないようご注意ください。

(注4) 共同利用研究実施報告書は基礎生物学研究所のホームページ(<http://www.nibb.ac.jp/collabo/invite/invite.html>)に公開されます。公開できない内容は省略し、簡潔にご記入ください。

(注5) 1. ~ 4. の情報に誤りがあった場合、担当係にて修正の上、自然科学共同利用・共同研究統括システム(NOUS) (<https://www.nins.jp/site/nous/>)に再アップロードしますのでご了承ください。

基礎生物學研究所長 殿

（報告者）

所属：久留米大学分子生命科学研究所

氏名：佐野 浩子

下記のとおり実施しましたので報告します。

記

1. 種別（いずれかをチェック☑してください。）

- ☐ 新規モデル生物開発共同利用研究
- ☒ 個別共同利用研究
- ☐ 統合ゲノミクス共同利用研究
- ☐ 統合イメージング共同利用研究
- ☐ 大型スペクトログラフ共同利用実験
- ☐ 生物遺伝資源新規保存技術開発共同利用研究
- ☐ 研究会
- ☐ トレーニングコース実施

2. 研究課題名

ライブイメージングと数理モデリングによる糖感知機構の解析

3. 課題番号（審査結果通知書及び申請書に記載しています。）

21-216

4. 所内対応者

氏名：生殖細胞研究部門教授 吉田松生

（次ページに続く）

5. 共同利用研究分担者 (注1)(注2)(注3)

(記入例：自然大学大学院工学研究科 准教授 岡崎太郎)

- ・ 基礎生物学研究所 生殖細胞研究部門 研究員 佐藤俊之
- ・
- ・
- ・

6. 研究成果の概要及び今後の展望

本研究はグルコース感知に関与する糖代謝経路をイメージングと数理モデルを利用して同定することを目的としている。2020年度共同研究の継続課題であり、2020年度までにライブイメージングに必要なショウジョウバエ系統を作製し、グルコースセンサーが生理的なグルコース濃度に反応することなどを検証した。2021度はこれらの系統を用いて、生殖細胞研究部門においてイメージングシステムの確立を行う予定であったが、新型コロナウイルスの流行が終息せず、訪問することができなかった。本プロジェクトは引き続き吉田教授との共同研究として継続する。

7. 研究成果発表等の予定

未定

8. 備考

(注1) 記入例に沿って所属先機関名、部局名、職名、氏名を記載してください。

(注2) 研究会の場合は参加者リストを別紙(様式任意)として添付してください。

(注3) 共同利用研究分担者及び研究会参加者各位に、(注4)のとおり所属先機関名、部局名、職名、氏名が公開されることのできることを了承してください。情報公開に関する承認が得られなかった場合、承認を得られなかった方の情報は報告書に記載しないようご注意ください。

(注4) 共同利用研究実施報告書は基礎生物学研究所のホームページ(<http://www.nibb.ac.jp/collabo/invite/invite.html>)に公開されます。公開できない内容は省略し、簡潔にご記入ください。

(注5) 1.～4.の情報に誤りがあった場合、担当係にて修正の上、自然科学共同利用・共同研究統括システム(NOUS) (<https://www.nins.jp/site/nous/>)に再アップロードしますのでご了承ください。

2022 年 4 月 28 日

基礎生物学研究所長 殿

（報告者）

所属：明治大学 農学部 生命科学科

氏名：吉本 光希

下記のとおり実施しましたので報告します。

記

1. 種別（いずれかをチェック☑してください。）

- ☐ 新規モデル生物開発共同利用研究
- ☒ 個別共同利用研究
- ☐ 統合ゲノミクス共同利用研究
- ☐ 統合イメージング共同利用研究
- ☐ 大型スペクトログラフ共同利用実験
- ☐ 生物遺伝資源新規保存技術開発共同利用研究
- ☐ 研究会
- ☐ トレーニングコース実施

2. 研究課題名

花卉の老化過程におけるオートファジーの重要性

3. 課題番号（審査結果通知書及び申請書に記載しています。）

21-217

4. 所内対応者

氏名：星野 敦

（次ページに続く）

5. 共同利用研究分担者 (注1)(注2)(注3)

(記入例：自然大学大学院工学研究科 准教授 岡崎太郎)

- ・明治大学 農学部 学部学生 只木 亮哉
- ・明治大学 大学院農学研究科 大学院生 柳生 真子
- ・明治大学 農学部 助教 吉竹 悠宇志

6. 研究成果の概要及び今後の展望

昨年度、花卉特異的にオートファジー活性を抑制するためのコンストラクト構築に取り掛かったが、シーケンスを行い最終ベクターの配列を確認したところ、予想外の配列が挿入されており完成に至らなかったため、引き続きコンストラクト作成に取り組んだ。Gateway 法によりオートファジー関連遺伝子の一部を RNAi 用 Gateway ベクター (CaMV35S プロモーターと花卉特異的発現プロモーターを入れ替えたベクター) に挿入してオートファジー関連遺伝子ノックダウン用のコンストラクトを完成させた。また、全身でオートファジー活性を完全抑制するためのゲノム編集用コンストラクトも作成した。

今後はこれらベクターをアグロバクテリウム (EHA105) に導入し、それを用いてアサガオの形質転換を実施する予定である。アサガオの形質転換は、多様性生物学研究室の星野助教に指導していただき基礎生物学研究所で行うとともに、並行して明治大学でも行う予定である。形質転換株を複数取得し、最終的に花卉におけるオートファジー活性が低下しているアサガオを単離し、その株を用いて花卉の老化過程におけるオートファジーの役割を明らかにする予定。

7. 研究成果発表等の予定

結果が出次第、学会等で発表予定。

8. 備考

(注1) 記入例に沿って所属先機関名、部局名、職名、氏名を記載してください。

(注2) 研究会の場合は参加者リストを別紙(様式任意)として添付してください。

(注3) 共同利用研究分担者及び研究会参加者各位に、(注4)のとおり所属先機関名、部局名、職名、氏名が公開されることのできることを了承してください。情報公開に関する承認が得られなかった場合、承認を得られなかった方の情報は報告書に記載しないようご注意ください。

(注4) 共同利用研究実施報告書は基礎生物学研究所のホームページ (<http://www.nibb.ac.jp/collabo/invite/invite.html>) に公開されます。公開できない内容は省略し、簡潔にご記入ください。

(注5) 1. ～ 4. の情報に誤りがあった場合、担当係にて修正の上、自然科学共同利用・共同研究統括システム(NOUS) (<https://www.nins.jp/site/nous/>) に再アップロードしますのでご了承ください。

2022 年 4 月 15 日

基礎生物学研究所長 殿

（報告者）

所属：国立科学博物館分子生物多様性研究資料センター

氏名：柿嶋 聡

下記のとおり実施しましたので報告します。

記

1. 種別（いずれかをチェック☑してください。）

- ☐ 新規モデル生物開発共同利用研究
- ☒ 個別共同利用研究
- ☐ 統合ゲノミクス共同利用研究
- ☐ 統合イメージング共同利用研究
- ☐ 大型スペクトログラフ共同利用実験
- ☐ 生物遺伝資源新規保存技術開発共同利用研究
- ☐ 研究会
- ☐ トレーニングコース実施

2. 研究課題名

周期的一斉開花植物コダチスズムシソウの進化と 6 年を測る生物時計機構の解明

3. 課題番号（審査結果通知書及び申請書に記載しています。）

21-218

4. 所内対応者

氏名：長谷部 光泰

（次ページに続く）

5. 共同利用研究分担者 (注1)(注2)(注3)

6. 研究成果の概要及び今後の展望

6 年周期で一斉開花枯死するキツネノマゴ科のコダチスズムシソウを材料に、6 年を測る生物時計機構とその進化を解明することを目的に研究を行った。PacBio CLR read および HiSeq2500 PE を行い、コダチスズムシソウのゲノム解読を進めた。その結果、ゲノムサイズは約 704MB、もしくは葉緑体 DNA の影響を考慮すると 704MB 以下であることが推定された。様々な処理を施した後に、アセンブルした結果、Contig 数は 36、トータル長は 619MB、N50 は 32.5MB、BUSCO スコアは 97.8%という高精度なゲノムの構築に成功した。現在、RNA-seq を行い、アノテーション作業を進めている。また、2021 年度は沖縄島の野外集団で 6 年に 1 度の一斉開花が生じた。現地調査を行い、沖縄島のみでコダチスズムシソウが進化した要因を探るため、近縁種のオキナワスズムシソウと繁殖干渉が生じている可能性を検討する交配実験を進めた。

今後も引き続き、コダチスズムシソウの 6 年を測る生物時計の生理メカニズムを解明するため、複数の環境条件下における栽培実験を行う。また、RNA-seq を用いたトランスクリプトーム解析を行い、ゲノムにマッピングすることで、発芽から開花までの遺伝子発現変動から周期遺伝子をスクリーニングする。さらに、コダチスズムシソウとオキナワスズムシソウの F2 雑種を用いた QTL マッピングを行う。これらの結果を統合することで、6 年を測る生物時計を解明していくことを計画している。

7. 研究成果発表等の予定

これまでの研究成果について、第 53 回種生物学シンポジウムにおいて片岡奨励賞受賞講演で発表を行うとともに、第 21 回植物分類学会大会において奨励賞受賞講演で発表を行った。現在、投稿論文を準備している。

8. 備考

(注1) 記入例に沿って所属先機関名、部局名、職名、氏名を記載してください。

(注2) 研究会の場合は参加者リストを別紙(様式任意)として添付してください。

(注3) 共同利用研究分担者及び研究会参加者各位に、(注4)のとおり所属先機関名、部局名、職名、氏名が公開されることのできることを了承してください。情報公開に関する承認が得られなかった場合、承認を得られなかった方の情報は報告書に記載しないようご注意ください。

(注4) 共同利用研究実施報告書は基礎生物学研究所のホームページ(<http://www.nibb.ac.jp/collabo/invite/invite.html>)に公開されます。公開できない内容は省略し、簡潔にご記入ください。

(注5) 1. ~ 4. の情報に誤りがあった場合、担当係にて修正の上、自然科学共同利用・共同研究統括システム(NOUS) (<https://www.nins.jp/site/nous/>)に再アップロードしますのでご了承ください。

2022年4月28日

基礎生物学研究所長 殿

（報告者）

所属：千葉大学大学院園芸学研究院

氏名：島田 貴士

下記のとおり実施しましたので報告します。

記

1. 種別（いずれかをチェック☑してください。）

- ☐ 新規モデル生物開発共同利用研究
- ☒ 個別共同利用研究
- ☐ 統合ゲノミクス共同利用研究
- ☐ 統合イメージング共同利用研究
- ☐ 大型スペクトログラフ共同利用実験
- ☐ 生物遺伝資源新規保存技術開発共同利用研究
- ☐ 研究会
- ☐ トレーニングコース実施

2. 研究課題名

病原糸状菌・炭疽病菌の感染による植物細胞内のオルガネラ動態変化

3. 課題番号（審査結果通知書及び申請書に記載しています。）

21-219

4. 所内対応者

氏名：上田 貴志（基礎生物学研究所・細胞動態研究部門・教授）

（次ページに続く）

5. 共同利用研究分担者 (注1)(注2)(注3)

(記入例：自然大学大学院工学研究科 准教授 岡崎太郎)

(分担者はなし)

6. 研究成果の概要及び今後の展望

本研究では、基礎生物学研究所・細胞動態研究部門・上田貴志教授とともに、顕微鏡観察を中心とした共同研究を行った。植物材料としてシロイヌナズナを、病原糸状菌として炭疽病菌を用いることで、炭疽病菌感染時の細胞内動態を観察・解析した。

アクチン繊維と、他の細胞小器官を同時に可視化するシロイヌナズナの作出を行った。これまでに、RFP-PTS1 (ペルオキシソーム)、ミトコンドリア局在型 mCherry 発現シロイヌナズナの作出に成功した。ARA6-RFP (エンドソーム)、RFP-SYP43 (トランスゴルジ網) については、現在作出を進めている。

前述のアクチン繊維とペルオキシソーム、およびミトコンドリアを同時可視化したシロイヌナズナに、アブラナ科野菜類炭疽病を接種し、細胞内観察を行った。通常の細胞では、ミトコンドリアが原形質流動によって動く様子が観察された。一方、アブラナ科野菜類炭疽病によりアクチン繊維が断片化された細胞では、ミトコンドリアの動きが低下していた。この原因としては、アクチン繊維の断片化により、原形質流動が低下したためと考えられる。また、ペルオキシソームは、アブラナ科野菜類炭疽病の接種の有無にかかわらず、動態は変化しなかった。ウリ類炭疽病菌、クワ炭疽病菌を接種し、細胞内観察を行ったが、接種の前後で細胞動態に変化は見られなかった。エンドソームやトランスゴルジ網の動態についても、植物体の作出が完了次第、観察を行う予定である。

アクチン繊維の断片化により、本来は感染できない非適合型菌に対する耐性が低下すると考え、あらかじめラトランキュリン B 処理によりアクチン繊維を断片化させた植物体に、クワ炭疽病菌を接種し、菌糸の侵入率を測定した。野生型ではラトランキュリン B の前処理の有無にかかわらず、菌糸の侵入は見られなかった。今後は、感染初期の抵抗性に異常のあるシロイヌナズナ変異体を用いて、同様の実験を行う予定である。

7. 研究成果発表等の予定

本研究成果を発表するために、現在、論文を作成中である。2021 年度に基礎生物学研究所・細胞動態研究部門に来所し、上田貴志教授とともに論文作成のためのディスカッションを行った。

8. 備考

(注1) 記入例に沿って所属先機関名、部局名、職名、氏名を記載してください。

(注2) 研究会の場合は参加者リストを別紙(様式任意)として添付してください。

(注3) 共同利用研究分担者及び研究会参加者各位に、(注4)のとおり所属先機関名、部局名、職名、氏名が公開されることのできることを了承してください。情報公開に関する承認が得られなかった場合、承認を得られなかった方の情報は報告書に記載しないようご注意ください。

（注４） 共同利用研究実施報告書は基礎生物学研究所のホームページ（<http://www.nibb.ac.jp/collabo/invite/invite.html>）に公開されます。公開できない内容は省略し、簡潔にご記入ください。

（注５） １．～４．の情報に誤りがあった場合、担当係にて修正の上、自然科学共同利用・共同研究統括システム(NOUS)（<https://www.nins.jp/site/nous/>）に再アップロードしますのでご了承ください。

基礎生物學研究所長 殿

（報告者）

所属：富山大学学術研究部理学系

氏名：前川清人

下記のとおり実施しましたので報告します。

記

1. 種別（いずれかをチェック☑してください。）

- ☐ 新規モデル生物開発共同利用研究
- ☒ 個別共同利用研究
- ☐ 統合ゲノミクス共同利用研究
- ☐ 統合イメージング共同利用研究
- ☐ 大型スペクトログラフ共同利用実験
- ☐ 生物遺伝資源新規保存技術開発共同利用研究
- ☐ 研究会
- ☐ トレーニングコース実施

2. 研究課題名

シロアリとアブラムシにおける不妊カーストの分化機構の解析

3. 課題番号（審査結果通知書及び申請書に記載しています。）

21-220

4. 所内対応者

氏名：重信秀治

（次ページに続く）

5. 共同利用研究分担者 (注1)(注2)(注3)

(記入例：自然大学大学院工学研究科 准教授 岡崎太郎)

- ・産業技術総合研究所 生物プロセス研究部門 主任研究員 沓掛磨也子
- ・関西学院大学理工学部 学術研究員 矢口甫
- ・農業・食品産業技術総合研究機構 生物機能利用研究部門 学術研究員 増岡裕大
- ・富山大学大学院理工学教育部 大学院生 松谷拓紀
- ・富山大学大学院理工学教育部 大学院生 松下誠
- ・富山大学大学院理工学教育部 大学院生 藤原克斗

6. 研究成果の概要及び今後の展望

ヤマトシロアリの新規ゲノム解析とカースト間の詳細なトランスクリプトーム解析、およびネバダオオシロアリを含む他種との比較ゲノム解析に基づき、社会性進化における遺伝子重複の重要性を強く示唆する結果を得て論文にまとめた。本種のゲノム情報を用いた触角のトランスクリプトーム解析を進め、化学受容にかかわる遺伝子群をリストアップした。また、シロアリのソシオゲノミクスの現状と課題を整理したレビュー論文を発表した。さらに先進ゲノム支援のもと、ハクウンボクハナフシアブラムシの高品質な全ゲノム配列を決定することに成功した。この全ゲノム配列を用いて、昨年度および今年度実施したRNAseqデータを再解析し、重要な結果を得つつある。

7. 研究成果発表等の予定

ヤマトシロアリの新規ゲノム解読の論文を2022年1月に公表した(Shigenobu et al. 2022, *PNAS*)。複数のコンパニオンペーパーを投稿中または投稿準備中である。アブラムシのゲノムやトランスクリプトームデータについても、早期の論文化を目指す。

8. 備考

(注1) 記入例に沿って所属先機関名、部局名、職名、氏名を記載してください。

(注2) 研究会の場合は参加者リストを別紙(様式任意)として添付してください。

(注3) 共同利用研究分担者及び研究会参加者各位に、(注4)のとおり所属先機関名、部局名、職名、氏名が公開されることのできることを了承してください。情報公開に関する承認が得られなかった場合、承認を得られなかった方の情報は報告書に記載しないようご注意ください。

(注4) 共同利用研究実施報告書は基礎生物学研究所のホームページ(<http://www.nibb.ac.jp/collabo/invite/invite.html>)に公開されます。公開できない内容は省略し、簡潔にご記入ください。

(注5) 1. ~ 4. の情報に誤りがあった場合、担当係にて修正の上、自然科学共同利用・共同研究統括システム(NOUS) (<https://www.nins.jp/site/nous/>)に再アップロードしますのでご了承ください。

基礎生物学研究所長 殿

（報告者）

所属：北海道大学大学院農学研究院

氏名：秋元信一

下記のとおり実施しましたので報告します。

記

1. 種別（いずれかをチェック☑してください。）

- ☐ 新規モデル生物開発共同利用研究
- ☒ 個別共同利用研究
- ☐ 統合ゲノミクス共同利用研究
- ☐ 統合イメージング共同利用研究
- ☐ 大型スペクトログラフ共同利用実験
- ☐ 生物遺伝資源新規保存技術開発共同利用研究
- ☐ 研究会
- ☐ トレーニングコース実施

2. 研究課題名

多型性を示すアブラムシの各モルフと細胞内共生生物 *Buchnera* の量的関係の解明

3. 課題番号（審査結果通知書及び申請書に記載しています。）

21-221

4. 所内対応者

氏名：重信秀治 教授

（次ページに続く）

5. 共同利用研究分担者 (注1)(注2)(注3)

- ・北海道大学農学研究院 教授 秋元信一
- ・北海道大学農学院 博士課程3年 童 欣

6. 研究成果の概要及び今後の展望

昨年に引き続き、ワタムシ亜科に属するゴール形成性アブラムシ3種に見られる強制的細胞内共生細菌 *Buchnera aphidicola* のゲノム特性を分析した。ワタムシ亜科の3種, *Tetraneura sorini*, *T. akinire* および *Eriosoma harunire* はハルニレの葉にそれぞれ独自の形状のゴールを形成し、加えて寄主転換性と著しい形態多型を示す。次世代シーケンサーOxford Nanopore Technology と Illumina sequencing を併用することで細胞内共生細菌 *Buchnera aphidicola* のDNA 配列を高い精度で解明し、ゲノムの特性を比較した。ゴール形成を行う3種では、共生 *Buchnera* においてプラスミドが存在しないことが明らかとなった。他方、エンドウヒゲナガアブラムシ *Acyrtosiphon pisum* では、共生する *Buchnera* にプラスミドが存在し、必須アミノ酸合成に関与する遺伝子が含まれる。そうした遺伝子と類似する遺伝子は、ゴール形成3種では核染色体に存在していた。ゴール形成アブラムシでは、ゴールの栄養レベルが高いため、自ら必須アミノ酸合成を促進する自然選択が働きにくく、このためにプラスミドを失った可能性が想定される。

Buchnera aphidicola 以外の共生細菌叢にも注目し、種間と多型（モルフ）間で細菌叢を比較した。*Eriosoma harunire* では *Buchnera* に加えて *Arsenophonus* が特異的に存在した。*Tetraneura* 属では、ゴール世代とイネ科根世代との間で、構成する細菌の比率に相違が見られた。共生 *Buchnera* の比率はどの世代のメスでも高く保たれたが、*Tetraneura akinire* ではゴール世代に比べて根世代で *Wolbachia* の比率が高まり、有性メスではその比率がさらに高まった。ところが、オスでは *Buchnera* と *Wolbachia* をほぼ完全に欠いていた。一方、*T. sorini* では *Wolbachia* の比率が低い点とオスにおいても *Buchnera* が存在するという特徴が見られた。これまでの研究で、各種の細菌叢の全体的傾向が明らかになったことから、各細菌の存在量を再度精査し、精度の高い存在比率を把握したいと考えている。以上の結果は、今後、論文として公表することを予定している。

7. 研究成果発表等の予定

現時点では公表時期は未定

8. 備考

(注1) 記入例に沿って所属先機関名、部局名、職名、氏名を記載してください。

(注2) 研究会の場合は参加者リストを別紙（様式任意）として添付してください。

(注3) 共同利用研究分担者及び研究会参加者各位に、(注4) のとおり所属先機関名、部局名、職名、氏名が公開されることのできることを承知してください。情報公開に関する承認が得られなかった場合、承認を得られなかった方の情報は報告書に記載しないようご注意ください。

(注4) 共同利用研究実施報告書は基礎生物学研究所のホームページ (<http://www.nibb.ac.jp/collabo/invite/invite.html>) に公開されます。公開できない内容は省略し、

簡潔にご記入ください。

(注5) 1. ～ 4. の情報に誤りがあった場合、担当係にて修正の上、自然科学共同利用・共同研究統括システム(NOUS) (<https://www.nins.jp/site/nous/>) に再アップロードしますのでご了承ください。

基礎生物学研究所共同利用研究実施報告書（2021 年度）

2022 年 5 月 27 日

基礎生物学研究所長 殿

（報告者）

所属：岡山大学 学術研究院医歯薬学域

氏名：檜山武史

下記のとおり実施しましたので報告します。

記

1. 種別（いずれかをチェック☑してください。）

- ☐ 新規モデル生物開発共同利用研究
- ☐ 個別共同利用研究
- ☐ 統合ゲノミクス共同利用研究
- ☒ 統合イメージング共同利用研究
- ☐ 大型スペクトログラフ共同利用実験
- ☐ 生物遺伝資源新規保存技術開発共同利用研究
- ☐ 研究会
- ☐ トレーニングコース実施

2. 研究課題名

神経細胞内外の微細構造の in vivo イメージング

3. 課題番号（審査結果通知書及び申請書に記載しています。）

21-222

4. 所内対応者

氏名： 亀井保博

（次ページに続く）

5. 共同利用研究分担者 (注1)(注2)(注3)

6. 研究成果の概要及び今後の展望

骨髄内の神経を切片を作成することなく観察することを目標に2光子顕微鏡を用いた条件検討を実施した。交感神経を蛍光観察可能な TH-CreER;LSL-tdTomato マウス、DBH-tauGFP マウス、副交感神経を蛍光観察可能な ChAT-Cre;LSL-tdTomato マウス、vGlut2-Cre;LSL-tdTomato マウス、感覚神経を蛍光観察可能な Scn10a-Cre;LSL-tdTomato マウス、Thy1-YFP マウス、それぞれについて固定サンプルを作成し、骨を脱灰処理や透明化処理して2光子顕微鏡を用いて観察した。その結果、それぞれのサンプルにおいて神経の走行を観察できたものの、背景光が高い物もあり、完全の余地のあることがわかった。今後、さらに透明化試薬の組み合わせを調整し、より良好な条件の確立を目指す。

7. 研究成果発表等の予定

別途実施している切片観察及び電顕観察と併せて、成果にまとめる予定である。

8. 備考

(注1) 記入例に沿って所属先機関名、部局名、職名、氏名を記載してください。

(注2) 研究会の場合は参加者リストを別紙(様式任意)として添付してください。

(注3) 共同利用研究分担者及び研究会参加者各位に、(注4)のとおり所属先機関名、部局名、職名、氏名が公開されることのできることを了承してください。情報公開に関する承認が得られなかった場合、承認を得られなかった方の情報は報告書に記載しないようご注意ください。

(注4) 共同利用研究実施報告書は基礎生物学研究所のホームページ(<http://www.nibb.ac.jp/collabo/invite/invite.html>)に公開されます。公開できない内容は省略し、簡潔にご記入ください。

(注5) 1.～4.の情報に誤りがあった場合、担当係にて修正の上、自然科学共同利用・共同研究統括システム(NOUS) (<https://www.nins.jp/site/nous/>)に再アップロードしますのでご了承ください。

2021 年 5 月 30 日

基礎生物学研究所長 殿

（報告者）

所属：明治大学 農学部 生命科学科

氏名：越水 静

下記のとおり実施しましたので報告します。

記

1. 種別（いずれかをチェック☑してください。）

- ☐ 新規モデル生物開発共同利用研究
- ☒ 個別共同利用研究
- ☐ 統合ゲノミクス共同利用研究
- ☐ 統合イメージング共同利用研究
- ☐ 大型スペクトログラフ共同利用実験
- ☐ 生物遺伝資源新規保存技術開発共同利用研究
- ☐ 研究会
- ☐ トレーニングコース実施

2. 研究課題名

花の構造色を発色する微細構造の形成メカニズム解明

3. 課題番号（審査結果通知書及び申請書に記載しています。）

21-223

4. 所内対応者

氏名：星野 敦

（次ページに続く）

5. 共同利用研究分担者 (注1)(注2)(注3)

(記入例：自然大学大学院工学研究科 准教授 岡崎太郎)

なし

6. 研究成果の概要及び今後の展望

本研究では、花の構造色を呈する微細構造の形成メカニズムの解明を目指している。

本研究計画では、実験材料であるギンセンカのゲノム配列決定を予定している。ギンセンカは二倍体との報告があるため (Tachibana et al., 1956)、ゲノム配列の決定に問題はないと思われたが、昨年度取得したショートリードのシーケンスデータを用いて k-mer 解析を行なったところ、四倍体であることが示唆された。四倍体の系統は研究計画にあるゲノム配列決定や CRISPR/Cas9 システムによるノックアウト個体の作成が困難になるため、二倍体のギンセンカ系統を探索する必要があった。海外には二倍体であることが確認されたギンセンカ系統がすでに存在しているが、名古屋議定書の対象となってしまうため、将来的にも国内のギンセンカであることが望ましい。日本全国でギンセンカを取り扱っている植物園や園芸店から植物体を集め、核相の調査 (鳥取大学との共同研究) とフローサイトメーターによる倍数性の推定を行った。その結果、国内でも二倍体のギンセンカの系統を発見することに成功した。現在、二倍体のギンセンカ系統にてゲノム配列決定のためのゲノム抽出を行っている。抽出後、Pacific Biosciences 社の SequelII シーケンサーによりロングリードを取得し、ゲノム配列の解読を行う (理研との共同研究)。解読したゲノム配列は、ギンセンカのゲノム編集や場合によっては順遺伝学に使用予定である。

また研究計画では物理的な刺激によって微細構造が形成される可能性についても調査する予定であったが、他グループより論文が発表された (Airolidi et al., 2021)。同論文によると、微細構造が形成される花卉の表皮細胞が伸長する際に細胞に加わる力によって機械的な座屈起き、凹凸構造が形成される。しかし、同じように細胞が伸長する花卉の裏側の細胞では微細な凹凸構造は形成されないため、凹凸が形成されるか否かは、凹凸が形成される細胞外マトリックスの物性にも依存する。研究代表者はすでに微細構造のある部分とない部分の遺伝子発現比較解析を行なっている他、細胞外マトリックスの成分分析を行うための共同研究を進行中である。今後は成分分析の結果から微細構造に関連する候補因子を絞り込み、逆遺伝学的手法によって解析する。

本研究成果を下記の学会やセミナーにて発表した。

1. 越水静「Morphological evolution in plant reproduction - taking plant sperms and structural color in flowers as examples -」
第 44 回 日本分子生物学会年会 (横浜) 2021 年 12 月
2. 越水静「植物の生殖における進化」
宇都宮大学 植物分子農学セミナー (第 85 回 C-Bio セミナー) 2022 年 1 月
3. 越水静「花の構造色を呈する微細構造 -フォトンクス農業実現のための基盤構築-」
ACT-X「環境とバイオテクノロジー」は 地球環境の危機を救う！II (オンライン)
2022 年 4 月

7. 研究成果発表等の予定

2022 年度の植物生理学会にて本研究成果を発表予定である。

8. 備考

(注1) 記入例に沿って所属先機関名、部局名、職名、氏名を記載してください。

(注2) 研究会の場合は参加者リストを別紙(様式任意)として添付してください。

(注3) 共同利用研究分担者及び研究会参加者各位に、(注4)のとおり所属先機関名、部局名、職名、氏名が公開されることの下承を得てください。情報公開に関する承認が得られなかった場合、承認を得られなかった方の情報は報告書に記載しないようご注意ください。

(注4) 共同利用研究実施報告書は基礎生物学研究所のホームページ(<http://www.nibb.ac.jp/collabo/invite/invite.html>)に公開されます。公開できない内容は省略し、簡潔にご記入ください。

(注5) 1. ～ 4. の情報に誤りがあった場合、担当係にて修正の上、自然科学共同利用・共同研究統括システム(NOUS) (<https://www.nins.jp/site/nous/>)に再アップロードしますのでご了承ください。

2022 年 5 月 13 日

基礎生物學研究所長 殿

（報告者）

所属：JT 生命誌研究館

氏名：蘇智慧

下記のとおり実施しましたので報告します。

記

1. 種別（いずれかをチェック☑してください。）

- ☐ 新規モデル生物開発共同利用研究
- ☒ 個別共同利用研究
- ☐ 統合ゲノミクス共同利用研究
- ☐ 統合イメージング共同利用研究
- ☐ 大型スペクトログラフ共同利用実験
- ☐ 生物遺伝資源新規保存技術開発共同利用研究
- ☐ 研究会
- ☐ トレーニングコース実施

2. 研究課題名

オサムシの後翅退化の分子機構の進化の解明

3. 課題番号（審査結果通知書及び申請書に記載しています。）

21-224

4. 所内対応者

氏名：新美輝幸

（次ページに続く）

5. 共同利用研究分担者 (注1)(注2)(注3)

(記入例：自然大学大学院工学研究科 准教授 岡崎太郎)

・JT 生命誌研究館 研究補助員 佐々木綾子

6. 研究成果の概要及び今後の展望

後翅退化の発生メカニズム：2020 年度では、本研究に用いる予定の 4 種のオサムシのうち、クロカタビロオサムシ（正常後翅）とヤコンオサムシ（後翅が針状に退化）2 種の飼育法を確立した。これら 2 種のオサムシの後翅発生過程を観察した結果、後翅の退化は蛹期の発生過程において、後翅の翅脈間の組織が形成できないために生じることであると結論付けた。2021 年度では、3 種目のマイマイカブリ（後翅が均等萎縮）の採集と飼育に成功し、後翅の発生過程を観察することができた。ヤコンオサムシとクロカタビロオサムシに比べ、前蛹期では後翅のサイズ（膜のサイズ）は 2 mm 弱～4 mm 弱ほどの個体変異が見られた。また、蛹期では翅脈間の組織だけでなく、翅脈そのものも正常に形成できず、羽化直前の蛹の後翅は 1 mm ほどまで退縮していることが判明した。後翅退化に関わる候補遺伝子の特定：現時点では、ヤコンオサムシとクロカタビロオサムシの後翅における、翅形成関連遺伝子群の発現プロファイリングは完成している。マイマイカブリについては、現在 RNA-seq の解析が進行中である。

今後、これら 3 種のオサムシの翅形成関連遺伝子の発現プロファイリングを比較し、後翅の退化に関わる遺伝子の特定を目指す。候補遺伝子が特定できた場合、RNAi 実験による候補遺伝子の機能検証を行う予定である。また、後翅退化の発生メカニズムについて、組織形成が正常にできていないことが観察されたが、アポトーシスが生じている可能性もあるため、組織や細胞レベルでの観察を行って確認したい。

7. 研究成果発表等の予定

2022 年度の日本進化学会で発表する予定である。また、RNA-seq 解析が完了次第、学術誌への投稿論文の作成に取り掛かる予定である。

8. 備考

(注1) 記入例に沿って所属先機関名、部局名、職名、氏名を記載してください。

(注2) 研究会の場合は参加者リストを別紙（様式任意）として添付してください。

(注3) 共同利用研究分担者及び研究会参加者各位に、(注4) のとおり所属先機関名、部局名、職名、氏名が公開されることのできることを了承してください。情報公開に関する承認が得られなかった場合、承認を得られなかった方の情報は報告書に記載しないようご注意ください。

(注4) 共同利用研究実施報告書は基礎生物学研究所のホームページ (<http://www.nibb.ac.jp/collabo/invite/invite.html>) に公開されます。公開できない内容は省略し、簡潔にご記入ください。

(注5) 1. ～ 4. の情報に誤りがあった場合、担当係にて修正の上、自然科学共同利用・共同研究統括システム(NOUS) (<https://www.nins.jp/site/nous/>) に再アップロードしますのでご了承ください。

2022 年 4 月 20 日

基礎生物學研究所長 殿

（報告者）

所属：水産研究・教育機構 水産技術研究所

氏名：吉浦康寿

下記のとおり実施しましたので報告します。

記

1. 種別（いずれかをチェック☑してください。）

- ☐ 新規モデル生物開発共同利用研究
- ☒ 個別共同利用研究
- ☐ 統合ゲノミクス共同利用研究
- ☐ 統合イメージング共同利用研究
- ☐ 大型スペクトログラフ共同利用実験
- ☐ 生物遺伝資源新規保存技術開発共同利用研究
- ☐ 研究会
- ☐ トレーニングコース実施

2. 研究課題名

メダカをモデルとした魚類の雄不妊化遺伝子の同定

3. 課題番号（審査結果通知書及び申請書に記載しています。）

21-225

4. 所内対応者

氏名：成瀬 清

（次ページに続く）

5. 共同利用研究分担者 (注1)(注2)(注3)

- ・水産技術研究所屋島庁舎 研究支援職員 黒柳美和
- ・基礎生物学研究所光学解析 特任准教授 亀井保博

6. 研究成果の概要及び今後の展望

雄の不妊化遺伝子候補として、精子形成および受精に関わる下記の3つの遺伝子についてKOメダカを作製し、表現型解析を行った。

① Izumo1

Izumo1は精子の細胞膜に局在する膜タンパク質で、卵との融合に不可欠である。このKOマウスの精子は、運動能はあるが、卵と融合できないため受精できない。魚類でも、*Izumo1*遺伝子は存在し、その機能は明らかにされていない。昨年度、ゲノム編集で*Izumo1*遺伝子に変異を導入した第一世代のメダカを作製した。今年度は、第一世代のメダカを交配し、*Izumo1*遺伝子に欠損変異をヘテロ持つF1を作製し、さらにこれらを交配したF2の中でこれらの欠損変異をホモに持つ*izumo1* KOメダカを作製した。*izumo1* KOメダカの雄と通常メダカの雌を交配したところ、すべての卵で受精を確認できなかった(図1. 左写真)。一方、*izumo1* KOメダカの雌と通常メダカの雄の交配では、通常どおり受精した(図1. 右写真)。このことから、Izumo1は雄の精子のみに影響を与え、雌の卵には影響しないことが確認できた。

② Sycp3 (Synaptonemal Complex Protein 3)

Sycp3は減数分裂中の接合期に形成される対合複合体の構成タンパク質である。この遺伝子のexon1にガイドRNAを設計し、CRISPR/Cas9のゲノム編集ツールをメダカ受精卵に導入した。ふ化仔魚の変異導入率を調べた結果、標的の領域に90%以上の高効率な変異導入を確認した。このG0(雌10尾、雄10尾)と野生型と交配して、20系統のF1を解析したが、このF1に機能欠損が期待できるSycp3の遺伝子欠損を持つ個体を得ることができなかった。このことから、Sycp3に機能欠損を持った生殖細胞は減数分裂できないため、Sycp3欠損の卵・精子は形成できないと推察した。

③未同定の精巣特異的発現遺伝子

哺乳類の知見から雄の不妊化遺伝子に着目したが、別のアプローチとして精巣で特異的に発現する未知の遺伝子も候補となる。そこで、メダカ精巣の発現遺伝子データベースから高発現かつ精子での特異的発現が期待できる遺伝子候補を探索したが、ゲノム編集が可能な有望な遺伝子を見つけることができなかった。

今後の展望として、魚類でもIzumo1が受精に関与するが、精子における局在は不明である。哺乳類では、精子の先体に局在し、一方魚類の精子は先体が存在しない。そこで、*Izumo1*遺伝子のプロモーターにレポーター遺伝子を連結したトランスジェニックメダカを作製し、精子におけるIzumo1の局在を明らかにする。

7. 研究成果発表等の予定

魚類の *Izumo1* も哺乳類と同様に受精に関与する現象は確認できたが、そのメカニズムは哺乳類とは異なる可能性がある。そこでメダカ精子における局在や卵との融合過程における役割を明らかにし、学会および学術雑誌での公表を行う予定である。

8. 備考

(注1) 記入例に沿って所属先機関名、部局名、職名、氏名を記載してください。

(注2) 研究会の場合は参加者リストを別紙(様式任意)として添付してください。

(注3) 共同利用研究分担者及び研究会参加者各位に、(注4)のとおり所属先機関名、部局名、職名、氏名が公開されることので了承を得てください。情報公開に関する承認が得られなかった場合、承認を得られなかった方の情報は報告書に記載しないようご注意ください。

(注4) 共同利用研究実施報告書は基礎生物学研究所のホームページ(<http://www.nibb.ac.jp/collabo/invite/invite.html>)に公開されます。公開できない内容は省略し、簡潔にご記入ください。

(注5) 1. ~ 4. の情報に誤りがあった場合、担当係にて修正の上、自然科学共同利用・共同研究統括システム(NOUS) (<https://www.nins.jp/site/nous/>)に再アップロードしますのでご了承ください。



図 1. ゲノム編集した *izumo1* KO メダカにおける表現型解析

izumo1 KO(HM)雄と野生メダカ(WT)雌の交配卵(左): 受精後 24 時間において油球の融合、囲卵腔の形成が認められず、正常な受精が確認できなかった(受精率 0% : 11 個中 0 個)。*izumo1* KO(HM)雌と野生メダカ雄の交配卵(右): 受精後 24 時間において、油球の融合、囲卵腔の形成が認められ、正常な受精を確認した(受精率 100% : 20 個中 20 個)。

2022 年 5 月 11 日

基礎生物學研究所長 殿

（報告者）

所属：神戸大学大学院理學研究科

氏名：石崎 公庸

下記のとおり実施しましたので報告します。

記

1. 種別（いずれかをチェック☑してください。）

- ☐ 新規モデル生物開発共同利用研究
- ☒ 個別共同利用研究
- ☐ 統合ゲノミクス共同利用研究
- ☐ 統合イメージング共同利用研究
- ☐ 大型スペクトログラフ共同利用実験
- ☐ 生物遺伝資源新規保存技術開発共同利用研究
- ☐ 研究会
- ☐ トレーニングコース実施

2. 研究課題名

ゼニゴケにおけるクローン繁殖の制御機構

3. 課題番号（審査結果通知書及び申請書に記載しています。）

21-226

4. 所内対応者

氏名：上田 貴志（細胞動態研究部門）

（次ページに続く）

5. 共同利用研究分担者 (注1)(注2)(注3)

- ・神戸大学大学院理学研究科 特命助教 加藤大貴
- ・神戸大学大学院理学研究科 学振特別研究員 酒井（坂本）友希

6. 研究成果の概要及び今後の展望

新型コロナウイルス感染拡大の影響により出張することができず、当初予定していた実験を行えなかった。実験内容や今後のスケジュールについて所内対応者である上田教授との打ち合わせを電子メール及びweb 会議で行った。実験材料を整備し、実験計画を再調整したうえで、今年度の個別共同利用研究に申請する予定である。

7. 研究成果発表等の予定

ゼニゴケの新たなクローン繁殖制御因子 STG については、必要なデータの取得を進めて本年度もしくは来年度中に原著論文として発表する予定である。

8. 備考

(注1) 記入例に沿って所属先機関名、部局名、職名、氏名を記載してください。

(注2) 研究会の場合は参加者リストを別紙（様式任意）として添付してください。

(注3) 共同利用研究分担者及び研究会参加者各位に、(注4)のとおり所属先機関名、部局名、職名、氏名が公開されることのできることを了承してください。情報公開に関する承認が得られなかった場合、承認を得られなかった方の情報は報告書に記載しないようご注意ください。

(注4) 共同利用研究実施報告書は基礎生物学研究所のホームページ (<http://www.nibb.ac.jp/collabo/invite/invite.html>) に公開されます。公開できない内容は省略し、簡潔にご記入ください。

(注5) 1. ～ 4. の情報に誤りがあった場合、担当係にて修正の上、自然科学共同利用・共同研究統括システム(NOUS) (<https://www.nins.jp/site/nous/>) に再アップロードしますのでご了承ください。

基礎生物学研究所長 殿

（報告者）

所属：九州大学大学院農学研究院

氏名：栗田喜久

下記のとおり実施しましたので報告します。

記

1. 種別（いずれかをチェック☑してください。）

- ☐ 新規モデル生物開発共同利用研究
- ☒ 個別共同利用研究
- ☐ 統合ゲノミクス共同利用研究
- ☐ 統合イメージング共同利用研究
- ☐ 大型スペクトログラフ共同利用実験
- ☐ 生物遺伝資源新規保存技術開発共同利用研究
- ☐ 研究会
- ☐ トレーニングコース実施

2. 研究課題名

新口動物における生殖ホルモンの起源

3. 課題番号（審査結果通知書及び申請書に記載しています。）

21-227

4. 所内対応者

氏名：大野薫

（次ページに続く）

5. 共同利用研究分担者 (注1)(注2)(注3)

(記入例：自然大学大学院工学研究科 准教授 岡崎太郎)

・九州大学大学院農学研究院 名誉教授 吉国通庸

6. 研究成果の概要及び今後の展望

生殖腺刺激ホルモンは、生殖腺や配偶子の成長・成熟を制御する、生物にとって極めて重要なホルモンの一つである。新口動物は、脊椎・頭索・尾索・棘皮・半索動物などから構成されるが、生殖腺刺激ホルモン GTH は脊椎動物にのみ存在し、その他の動物群では相同遺伝子は見つからない。それらでは何が生殖腺刺激ホルモンとして機能しているのかが、内分泌学上の解決すべき大きな課題であった。我々は、インスリンスーパーファミリーに属するリラキシンが、棘皮動物において広く生殖腺刺激ホルモンとして機能していることを明らかにしてきた。本研究では、新口動物のうちリラキシンの機能解析がなされていない、新口動物の他の動物群である頭索動物ナメクジウオにおいて、リラキシンの生殖刺激ホルモンとしての機能を明らかにし、新口動物における生殖腺刺激ホルモンの進化の問題解決を目的とした。

ヒガシナメクジウオの産卵期（調査地福津市地先では6-8月）に採集した約30個体を有機溶媒置換凍結乾燥法で乾燥後、顕微解剖し、神経管を含む背側組織を回収した。2 規定酢酸で抽出後、限外濾過法で分子量1万以下の画分を粗ペプチド試料として回収する。なお、この試料中に、生殖腺刺激活性が含まれることは、予備実験より既に確認済みである。ナメクジウオのゲノム／トランスクリプトームデータ（公開済み）から4種のリラキシンホモログ遺伝子が見つかった。そこで上述の粗ペプチド試料に含まれるリラキシンホモログを同定すべく、試料に含まれる全ペプチド成分を、基礎生物学研究所の所有する液体クロマトグラフ質量分析計で網羅的に配列解析を行った。しかしペプチドの量が検出可能な量に達しておらず、遺伝子の種類を同定するには至らなかった。

本研究では、遺伝子の同定と並行してリラキシンの産卵誘発機能の解析を試みた。従来、リラキシンの化学合成は、その組成上の問題で極めて困難であったが、当グループによって安定的に化学合成を可能とするメソッドを確立することに成功し、4種のリラキシンホモログ遺伝子の化学合成を実施できた。しかしながら、昨年度はナメクジウオの産卵盛期に数週間天候不良が続き、サンプリングを行うことができず、天候回復後すぐにサンプリングを行った個体は既に放卵放精を終えており、合成リラキシンを用いた産卵誘発実験を実施できなかった。

今後はより多くのナメクジウオの神経管から粗ペプチド試料を調精し、配列決定を試みるとともに、産卵盛期の個体を用いた4種の合成リラキシンによる産卵誘発実験を試みる。

7. 研究成果発表等の予定

なし

8. 備考

(注1) 記入例に沿って所属先機関名、部局名、職名、氏名を記載してください。

(注2) 研究会の場合は参加者リストを別紙(様式任意)として添付してください。

(注3) 共同利用研究分担者及び研究会参加者各位に、(注4)のとおり所属先機関名、部局名、職名、氏名が公開されることの下承を得てください。情報公開に関する承認が得られなかった場合、承認を得られなかった方の情報は報告書に記載しないようご注意ください。

(注4) 共同利用研究実施報告書は基礎生物学研究所のホームページ(<http://www.nibb.ac.jp/collabo/invite/invite.html>)に公開されます。公開できない内容は省略し、簡潔にご記入ください。

(注5) 1.～4.の情報に誤りがあった場合、担当係にて修正の上、自然科学共同利用・共同研究統括システム(NOUS) (<https://www.nins.jp/site/nous/>)に再アップロードしますのでご了承ください。

2022 年 4 月 30 日

基礎生物学研究所長 殿

（報告者）

所属：静岡大学大学院農学領域

氏名：本橋令子

下記のとおり実施しましたので報告します。

記

1. 種別（いずれかをチェック☑してください。）

- ☐ 新規モデル生物開発共同利用研究
- ☒ 個別共同利用研究
- ☐ 統合ゲノミクス共同利用研究
- ☐ 統合イメージング共同利用研究
- ☐ 大型スペクトログラフ共同利用実験
- ☐ 生物遺伝資源新規保存技術開発共同利用研究
- ☐ 研究会
- ☐ トレーニングコース実施

2. 研究課題名

エレクトロポレーションを用いたサトイモの遺伝子導入法の確立

3. 課題番号（審査結果通知書及び申請書に記載しています。）

21-228

4. 所内対応者

氏名：成瀬 清

（次ページに続く）

5. 共同利用研究分担者 (注1)(注2)(注3)

・静岡大学 農学部 学部4年生 石坪英人

6. 研究成果の概要及び今後の展望

近年、問題となっている *Phytophthora colocasiae* によるサトイモ疫病による被害は、宮崎県では最盛期と比較して約 45 億円の減収であった。疫病の発生地域は南九州から愛媛県、千葉県と広がりつつあるため、放置すれば全国的に疫病が蔓延し、収穫量が半減すると、約 334 億円の損失となる。蔓延する疫病の被害からサトイモ栽培を守るために、現在、DNA マーカーを作製して疫病抵抗性遺伝子の同定を進めている。多くの多収サトイモ品種は花をつけず、種子もできないため交配育種は難しいので、疫病抵抗性遺伝子が同定された時には、ゲノム編集技術などを用いて遺伝子改変を行い、疫病抵抗性サトイモの作出を試みる必要がある。そこで、ネッパジーンのエレクトロポレーションを用いて、サトイモの遺伝子導入法を確立する。

ネッパジーンのエレクトロポレーションを用いて、サトイモの遺伝子導入方法を確立するため、茎頂を複数単離していたが、継代培養中のサトイモに内生菌が蓄積し、茎頂を切り出すと内生菌の繁殖が進み幼植物体が 1 週間以内に枯死するという問題が発生した。この解決の為に植物体を $0.2 \sim 1.0 \text{ gL}^{-1}$ 硝酸銀水溶液へ 24 時間浸漬し内生菌除去を試みている。内生菌除去方法の確立が重要であり、さまざまな殺菌剤を用いて検討を行ない効率の良い方法を探る必要がある。

さらに、サトイモの単離茎頂を用いて、コンストラクトベクター導入時の選抜に用いる有効な抗生物質の探索を行った。カナマイシン、パロモマイシン、g418、ハイグロマイシンによる選抜有効な濃度を調べた。

今後、単離茎頂に、作成したカリフラ ワーモザイクウイルス 35S promoter に GFP タンパク質遺伝子を連結したベクターコンストラクトとカリフラ ワーモザイクウイルス 35S promoter に GUS をタンパク質遺伝子を連結したベクターコンストラクトをネッパジーンのエレクトロポレーションを用いて導入を試みる。遺伝子の導入効率は GFP の蛍光や GUS の染色を観察して調査する。

7. 研究成果発表等の予定

日本植物バイオテクノロジー学会で発表予定

8. 備考

(注1) 記入例に沿って所属先機関名、部局名、職名、氏名を記載してください。

(注2) 研究会の場合は参加者リストを別紙(様式任意)として添付してください。

(注3) 共同利用研究分担者及び研究会参加者各位に、(注4)のとおり所属先機関名、部局名、職名、氏名が公開されることのできることを了承してください。情報公開に関する承認が得られなかった場合、承認を得ら

れなかった方の情報は報告書に記載しないようご注意ください。

（注４） 共同利用研究実施報告書は基礎生物学研究所のホームページ（<http://www.nibb.ac.jp/collabo/invite/invite.html>）に公開されます。公開できない内容は省略し、簡潔にご記入ください。

（注５） １．～４．の情報に誤りがあった場合、担当係にて修正の上、自然科学共同利用・共同研究統括システム(NOUS)（<https://www.nins.jp/site/nous/>）に再アップロードしますのでご了承ください。

2022 年 5 月 23 日

基礎生物學研究所長 殿

（報告者）

所属：旭川医科大学医学部医学科
先端医科学講座

氏名：上田 潤

下記のとおり実施しましたので報告します。

記

1. 種別（いずれかをチェック☑してください。）

- ☐ 新規モデル生物開発共同利用研究
- ☒ 個別共同利用研究
- ☐ 統合ゲノミクス共同利用研究
- ☐ 統合イメージング共同利用研究
- ☐ 大型スペクトログラフ共同利用実験
- ☐ 生物遺伝資源新規保存技術開発共同利用研究
- ☐ 研究会
- ☐ トレーニングコース実施

2. 研究課題名

精巢特異的ヒストンバリエント H3t のヒストンコード解明

3. 課題番号（審査結果通知書及び申請書に記載しています。）

21-229

4. 所内対応者

氏名：中山 潤一 教授

（次ページに続く）

5. 共同利用研究分担者 (注1)(注2)(注3)

(記入例：自然大学大学院工学研究科 准教授 岡崎太郎)

・旭川医科大学医学部医学科 助教 橋本理尋

6. 研究成果の概要及び今後の展望

2021年度は、中山潤一博士と共に、精巣特異的ヒストンバリエント H3t にタグを付けたノックインマウスの開発を行った。候補となるマウスを選別し、ノックインの確認とともに、H3t の発現を検討したところ、実際にタグ付き H3t を発現しているマウスを得ることに成功した。さらに、タグを付けた H3t は精巣で発現し、細胞核に局在することから、H3t の機能を保持していると考えられる。2022年度は、ノックインマウスをライン化して、ライン化したマウスの精巣からタグ付き H3t を精製して、H3t の翻訳後修飾を質量分析によって解析することを予定している。

7. 研究成果発表等の予定

ノックインマウスの評価を十分に行った後に、リソース論文を発表することを予定している。また、作製したノックインマウスは、理研バイオリソースセンターなどに寄託して、広く公開する予定である。

8. 備考

(注1) 記入例に沿って所属先機関名、部局名、職名、氏名を記載してください。

(注2) 研究会の場合は参加者リストを別紙(様式任意)として添付してください。

(注3) 共同利用研究分担者及び研究会参加者各位に、(注4)のとおり所属先機関名、部局名、職名、氏名が公開されることのできることを了承してください。情報公開に関する承認が得られなかった場合、承認を得られなかった方の情報は報告書に記載しないようご注意ください。

(注4) 共同利用研究実施報告書は基礎生物学研究所のホームページ(<http://www.nibb.ac.jp/collabo/invite/invite.html>)に公開されます。公開できない内容は省略し、簡潔にご記入ください。

(注5) 1. ～ 4. の情報に誤りがあった場合、担当係にて修正の上、自然科学共同利用・共同研究統括システム(NOUS) (<https://www.nins.jp/site/nous/>)に再アップロードしますのでご了承ください。

基礎生物学研究所長 殿

（報告者）

所属：県立広島大学生物資源科学部

氏名：菅 裕

下記のとおり実施しましたので報告します。

記

1. 種別（いずれかをチェック☑してください。）

- ☐ 新規モデル生物開発共同利用研究
- ☒ 個別共同利用研究
- ☐ 統合ゲノミクス共同利用研究
- ☐ 統合イメージング共同利用研究
- ☐ 大型スペクトログラフ共同利用実験
- ☐ 生物遺伝資源新規保存技術開発共同利用研究
- ☐ 研究会
- ☐ トレーニングコース実施

2. 研究課題名

多細胞性の起源とインテグリンと Notch マシーナリの進化

3. 課題番号（審査結果通知書及び申請書に記載しています。）

21-230

4. 所内対応者

氏名：阿形清和

（次ページに続く）

5. 共同利用研究分担者（注1）（注2）（注3）

- ・基礎生物学研究所 博士課程学生 黒木義人
- ・県立広島大学 学振特別研究員 DC1 傳保聖太郎
- ・県立広島大学 修士課程2年 日野礼仁
- ・県立広島大学 学部4年生 田中颯真

6. 研究成果の概要及び今後の展望

① カプサスポラ細胞の FACS による分離

単細胞ホロゾアカプサスポラに、通常型 Notch 様遺伝子と活性型 Notch 様遺伝子をトランスフェクションし、発現した細胞を FACS でソートした（阿形博士、黒木氏）。それぞれ 30-40 個の細胞を単離できた。初日にソート条件を決定し、翌日にソートしようとしたらポジティブ細胞が急激に減少するなどのトラブルに見舞われたものの、これも重要な知見と考えており、次回に生かせる。現在この細胞を少数細胞 RNAseq 解析にかけ、単細胞生物の Notch が一体どのような遺伝子の発現を促しているのか調べることを目指している。なお、少数細胞 RNAseq 解析全般に関する疑問には、生命創成探究センターの郷康広博士に相談に乗っていただいた。

② FRET 解析による単細胞ホロゾアのチロシンキナーゼ機能解析

単細胞生物のチロシンキナーゼシステムの機能を探るため、システムが活性化すると光を発するように工夫したコンストラクトをカプサスポラにトランスフェクションした。この細胞を青木一洋博士のもとで観察した。残念ながらトランスフェクションがうまくいかず、細胞を観察することはできなかったが、今後の研究に関する有意義なディスカッションができた。

今後は、①RNAseq にもっとたくさんの細胞を持ち込むことができるように、トランスフェクションのプロトコルを改良し、もう一度 FACS 解析を行う。②①と同様、ポジティブ細胞をもっと増やし、培地条件を変えたときにどのようなチロシンキナーゼ活性化が見られるか、確実なデータをとる。

7. 研究成果発表等の予定

令和3年度は、本来行う予定であった実験の多くが中止となったが、年度末になんとか実験を行うことができた。残念ながら、こちらの準備不足や予期せぬトラブルのため、まだ論文や学会で発表できるようなデータは得られていないが、今回得られた結果は大変有望であると考えている。令和4年度に可能な限り実験を進め、学会や論文に発表していく予定である。

8. 備考

3月22日には、菅が行っているウルシゲノムについてのセミナー（対面）、翌23日には菅研で行っている多細胞性進化の研究について所内セミナー（オンライン、対面）を行った。

(注1) 記入例に沿って所属先機関名、部局名、職名、氏名を記載してください。

(注2) 研究会の場合は参加者リストを別紙(様式任意)として添付してください。

(注3) 共同利用研究分担者及び研究会参加者各位に、(注4)のとおり所属先機関名、部局名、職名、氏名が公開されることので了承を得てください。情報公開に関する承認が得られなかった場合、承認を得られなかった方の情報は報告書に記載しないようご注意ください。

(注4) 共同利用研究実施報告書は基礎生物学研究所のホームページ(<http://www.nibb.ac.jp/collabo/invite/invite.html>)に公開されます。公開できない内容は省略し、簡潔にご記入ください。

(注5) 1.～4.の情報に誤りがあった場合、担当係にて修正の上、自然科学共同利用・共同研究統括システム(NOUS) (<https://www.nins.jp/site/nous/>)に再アップロードしますのでご了承ください。

2021 年 6 月 1 日

基礎生物學研究所長 殿

（報告者）

所属：大阪公立大学・大学院理學研究科

氏名：酒井 祐輔

下記のとおり実施しましたので報告します。

記

1. 種別（いずれかをチェック☑してください。）

- ☐ 新規モデル生物開発共同利用研究
- ☒ 個別共同利用研究
- ☐ 統合ゲノミクス共同利用研究
- ☐ 統合イメージング共同利用研究
- ☐ 大型スペクトログラフ共同利用実験
- ☐ 生物遺伝資源新規保存技術開発共同利用研究
- ☐ 研究会
- ☐ トレーニングコース実施

2. 研究課題名

造礁サンゴの幼生における光応答行動の分子基盤の解明

3. 課題番号（審査結果通知書及び申請書に記載しています。）

21-231

4. 所内対応者

氏名：上野 直人

（次ページに続く）

5. 共同利用研究分担者 (注1)(注2)(注3)

(記入例：自然大学大学院工学研究科 准教授 岡崎太郎)

- ・基礎生物学研究所 助教 高橋弘樹
- ・
- ・
- ・

6. 研究成果の概要及び今後の展望

本共同利用研究において、当初の予定では、同定・クローニングし、吸収波長を決定したウスエダミドリイシオプシンについて、CRISPR/Cas9 を用いた幼生個体での遺伝子機能解析実験を行なう予定でおり、実験にあたって、上野教授および高橋助教と技術連携する計画であった。しかし、新型コロナウイルス感染拡大の影響を受けて渡航が制限されたことで、フィールドである沖縄でのサンゴの採卵およびサンゴ受精卵へのガイド RNA のマイクロインジェクションが実施できず、基礎生物学研究所での行動実験も中止となった。所内対応者である上野教授および研究分担者である高橋助教とは Zoom を用いた Web 会議やメールで打ち合わせを行ない、研究推進にあたっての情報交換を行なった。

7. 研究成果発表等の予定

8. 備考

(注1) 記入例に沿って所属先機関名、部局名、職名、氏名を記載してください。

(注2) 研究会の場合は参加者リストを別紙(様式任意)として添付してください。

(注3) 共同利用研究分担者及び研究会参加者各位に、(注4)のとおり所属先機関名、部局名、職名、氏名が公開されることので了承を得てください。情報公開に関する承認が得られなかった場合、承認を得られなかった方の情報は報告書に記載しないようご注意ください。

(注4) 共同利用研究実施報告書は基礎生物学研究所のホームページ(<http://www.nibb.ac.jp/collabo/invite/invite.html>)に公開されます。公開できない内容は省略し、簡潔にご記入ください。

(注5) 1. ～ 4. の情報に誤りがあった場合、担当係にて修正の上、自然科学共同利用・共同研究統括システム(NOUS) (<https://www.nins.jp/site/nous/>)に再アップロードしますのでご了承ください。

2022 年 5 月 30 日

基礎生物学研究所長 殿

（報告者）

所属： 甲南大学理工学部

氏名： 今井 博之

下記のとおり実施しましたので報告します。

記

1. 種別（いずれかをチェック☑してください。）

- ☐ 新規モデル生物開発共同利用研究
- ☒ 個別共同利用研究
- ☐ 統合ゲノミクス共同利用研究
- ☐ 統合イメージング共同利用研究
- ☐ 大型スペクトログラフ共同利用実験
- ☐ 生物遺伝資源新規保存技術開発共同利用研究
- ☐ 研究会
- ☐ トレーニングコース実施

2. 研究課題名

根粒形成にける生体膜脂質の機能の解明

3. 課題番号（審査結果通知書及び申請書に記載しています。）

21-232

4. 所内対応者

氏名： 川口 正代司

（次ページに続く）

5. 共同利用研究分担者 (注1)(注2)(注3)

なし

-
-
-
-

6. 研究成果の概要及び今後の展望

私たちは、これまでにスフィンゴ脂質代謝に関わる酵素遺伝子をミヤコグサにおいて同定し、そのうちのいくつかについて、川口教授との共同研究のもと、CRISPR/Cas9でのノックアウトを試み、2021度において、スフィンゴ脂質組成の異なる変異体を解析する予定であった。しかし、新型コロナウイルス感染拡大の影響により、予定していた実験が大きく遅れたが、変異体の種子を得ることができた。今後は、この変異体を用いて本研究課題の研究を継続して進める予定である。

7. 研究成果発表等の予定

2022 年中に研究成果がある程度まとまれば、2023 年開催の日本植物生理学会などで研究成果を発表する予定である。

8. 備考

特になし

(注1) 記入例に沿って所属先機関名、部局名、職名、氏名を記載してください。

(注2) 研究会の場合は参加者リストを別紙(様式任意)として添付してください。

(注3) 共同利用研究分担者及び研究会参加者各位に、(注4)のとおり所属先機関名、部局名、職名、氏名が公開されることのできることを了承してください。情報公開に関する承認が得られなかった場合、承認を得られなかった方の情報は報告書に記載しないようご注意ください。

(注4) 共同利用研究実施報告書は基礎生物学研究所のホームページ(<http://www.nibb.ac.jp/collabo/invite/invite.html>)に公開されます。公開できない内容は省略し、簡潔にご記入ください。

(注5) 1. ~ 4. の情報に誤りがあった場合、担当係にて修正の上、自然科学共同利用・共同研究統括システム(NOUS) (<https://www.nins.jp/site/nous/>)に再アップロードしますのでご了承ください。

基礎生物学研究所長 殿

（報告者）

所属：産業技術総合研究所

氏名：出口 友則

下記のとおり実施しましたので報告します。

記

1. 種別（いずれかをチェック☑してください。）

- ☐ 新規モデル生物開発共同利用研究
- ☒ 個別共同利用研究
- ☐ 統合ゲノミクス共同利用研究
- ☐ 統合イメージング共同利用研究
- ☐ 大型スペクトログラフ共同利用実験
- ☐ 生物遺伝資源新規保存技術開発共同利用研究
- ☐ 研究会
- ☐ トレーニングコース実施

2. 研究課題名

リンパ系と神経系における発現遺伝子と chromatin accessibility 解析

3. 課題番号（審査結果通知書及び申請書に記載しています。）

21-233

4. 所内対応者

氏名：成瀬 清

（次ページに続く）

5. 共同利用研究分担者 (注1)(注2)(注3)

(記入例：自然大学大学院工学研究科 准教授 岡崎太郎)

- ・
- ・
- ・
- ・

6. 研究成果の概要及び今後の展望

今年度はコロナ禍のため基生研への出張ができず計画していたメダカの脳およびリンパ管のサンプリングが行えなかった。しかし、文献調査および研究者への聞き取りを行い各組織から生細胞を分離する手法の検討をおこなった。また、脳内のリンパ管の分布の様子を調べるため、我々が開発したリンパ管に GFP を発現するメダカの脳を摘出・固定し透明化したものをライトシート顕微鏡で観察したところ、これまでリンパ管が存在しないと思われていた下垂体でリンパ管らしき組織が確認できた。さらに、代表者の研究所でサンプリングを行えるようにするためセルソーターを購入した。今後は、代表者の研究所でサンプリングを行い、それを基生研に持ち込む、もしくは郵送することで研究を進めたいと考えている。特に脳内のリンパ管に関しては、その機能や遺伝子発現が体幹部のリンパ管と異なることが予想され、本研究により脳内のリンパ管と体幹部のリンパ管で short-read RNA-seq による遺伝子転写量と ATAC-seq による chromatin accessibility を比較することで、これらの機能の違いを明らかにできると期待している。

7. 研究成果発表等の予定

日本分子生物学会 2022 年度大会で口頭発表の予定

8. 備考

(注1) 記入例に沿って所属先機関名、部局名、職名、氏名を記載してください。

(注2) 研究会の場合は参加者リストを別紙(様式任意)として添付してください。

(注3) 共同利用研究分担者及び研究会参加者各位に、(注4)のとおり所属先機関名、部局名、職名、氏名が公開されることの下承を得てください。情報公開に関する承認が得られなかった場合、承認を得られなかった方の情報は報告書に記載しないようご注意ください。

(注4) 共同利用研究実施報告書は基礎生物学研究所のホームページ(<http://www.nibb.ac.jp/collabo/invite/invite.html>)に公開されます。公開できない内容は省略し、簡潔にご記入ください。

(注5) 1. ~ 4. の情報に誤りがあった場合、担当係にて修正の上、自然科学共同利用・共同研究統括システム(NOUS) (<https://www.nins.jp/site/nous/>)に再アップロードしますのでご了承ください。

2022 年 4 月 29 日

基礎生物学的研究所長 殿

（報告者）柴田 美智太郎

所属：理化学研究所 環境資源科学研究センター

氏名：柴田 美智太郎

下記のとおり実施しましたので報告します。

記

1. 種別（いずれかをチェック☑してください。）

- ☐ 新規モデル生物開発共同利用研究
- ☒ 個別共同利用研究
- ☐ 統合ゲノミクス共同利用研究
- ☐ 統合イメージング共同利用研究
- ☐ 大型スペクトログラフ共同利用実験
- ☐ 生物遺伝資源新規保存技術開発共同利用研究
- ☐ 研究会
- ☐ トレーニングコース実施

2. 研究課題名

過剰栄養条件下におけるシロイヌナズナ成長抑制因子のスクリーニング

3. 課題番号（審査結果通知書及び申請書に記載しています。）

21-234

4. 所内対応者

氏名：

金井 雅武 （基礎生物学的研究所 オルガネラ制御研究室 NIBB リサーチフェロー

真野 昌二 （基礎生物学的研究所 オルガネラ制御研究室 准教授）

（次ページに続く）

5. 共同利用研究分担者 (注1)(注2)(注3)

該当者なし

6. 研究成果の概要及び今後の展望

本年度は新型コロナウイルス感染拡大の影響によりオンライン会議にて打ち合わせを進め、今後の方針や実験内容について話し合った。実験に関して、変異株のスクリーニングを進めているが、期待する変異株の単離までは至っていない。今後も継続してスクリーニングを進めることで、期待する過剰栄養条件下におけるシロイヌナズナの成長抑制に関わる制御因子の単離を目指す。

7. 研究成果発表等の予定

現在のところなし

8. 備考

2022 年度継続

(注1) 記入例に沿って所属先機関名、部局名、職名、氏名を記載してください。

(注2) 研究会の場合は参加者リストを別紙(様式任意)として添付してください。

(注3) 共同利用研究分担者及び研究会参加者各位に、(注4)のとおり所属先機関名、部局名、職名、氏名が公開されることのできることを了承してください。情報公開に関する承認が得られなかった場合、承認を得られなかった方の情報は報告書に記載しないようご注意ください。

(注4) 共同利用研究実施報告書は基礎生物学研究所のホームページ(<http://www.nibb.ac.jp/collabo/invite/invite.html>)に公開されます。公開できない内容は省略し、簡潔にご記入ください。

(注5) 1.～4.の情報に誤りがあった場合、担当係にて修正の上、自然科学共同利用・共同研究統括システム(NOUS) (<https://www.nins.jp/site/nous/>)に再アップロードしますのでご了承ください。

基礎生物學研究所共同利用研究実施報告書（令和3年度）

2022年4月28日

基礎生物學研究所長 殿

（報告者）

所属：国立国際医療研究センター

氏名：杉山 真也

下記のとおり実施しましたので報告します。

記

1. 種別（いずれかをチェック☑してください。）

- ☐ 新規モデル生物開発共同利用研究
- ☒ 個別共同利用研究
- ☐ 統合ゲノミクス共同利用研究
- ☐ 統合イメージング共同利用研究
- ☐ 大型スペクトログラフ共同利用実験
- ☐ 生物遺伝資源新規保存技術開発共同利用研究
- ☐ 研究会
- ☐ トレーニングコース実施

2. 研究課題名

フェリチンの核内動態の解析

3. 課題番号（審査結果通知書及び申請書に記載しています。）

21-235

4. 所内対応者

氏名：金井 雅武

（次ページに続く）

5. 共同利用研究分担者 (注1)(注2)(注3)

(記入例：自然大学大学院工学研究科 准教授 岡崎太郎)

・該当なし

・
・
・

6. 研究成果の概要及び今後の展望

がん細胞の維持をサポートする機能を持つとされる、がん関連線維芽細胞 (cancer associated fibroblast: CAF) では、FTL、FTH1 が従来のフェリチンとしての機能の他に異なる作用があることをこれまでの研究で確認している。CAF では、非がん部から得られた通常の線維芽細胞と比べて、鉄に対する感受性が高く、鉄負荷で FTL、FTH1 の特定の機能がより強く発現していた。今回、CAF における FTL、FTH1 の機能を明らかにするために、FTL と FTH1 に結合するタンパクの網羅的な解析を実施した。最適条件の調整を行い、質量分析に進めた。今後データの解析と詳細な結合の部位等の検証を行うことで、FTL、FTH1 の機能の解析を進める。

7. 研究成果発表等の予定

データ解析が進んだ段階で、学会発表と学術誌への論文の投稿を行う。

8. 備考

(注1) 記入例に沿って所属先機関名、部局名、職名、氏名を記載してください。

(注2) 研究会の場合は参加者リストを別紙(様式任意)として添付してください。

(注3) 共同利用研究分担者及び研究会参加者各位に、(注4)のとおり所属先機関名、部局名、職名、氏名が公開されることのできることを了承してください。情報公開に関する承認が得られなかった場合、承認を得られなかった方の情報は報告書に記載しないようご注意ください。

(注4) 共同利用研究実施報告書は基礎生物学研究所のホームページ (<http://www.nibb.ac.jp/collabo/invite/invite.html>) に公開されます。公開できない内容は省略し、簡潔にご記入ください。

(注5) 1. ～ 4. の情報に誤りがあった場合、担当係にて修正の上、自然科学共同利用・共同研究統括システム(NOUS) (<https://www.nins.jp/site/nous/>) に再アップロードしますのでご了承ください。

Research Report
Collaborative Research at the National Institute for Basic Biology (NIBB)
Fiscal year 2021

Date (26/05/2022)

To Director General of NIBB

(Representative / Principal Investigator)
Name : Chunli Chen
Institution : Huazhong Agricultural University

The Collaborative Research Report is as follows:

1. Category (Please select one.)

- ☐ Collaborative research projects for new model organism development
- ☒ Individual collaborative research projects
- ☐ Collaborative research projects for integrative genomics
- ☐ Collaborative research projects for integrative bioimaging
- ☐ Collaborative experiments using the Large Spectrograph
- ☐ Collaborative research projects for bioresource preservation technology development
- ☐ NIBB workshops
- ☐ Support for NIBB training courses

2. Research project title

Molecular mechanism of stem cell formation in the moss *Physcomitrium patens*

3. Project number (This information is listed in both the notification of examination results and the application form.)

21-236

4. Host researcher

Name : Mitsuyasu Hasebe

(Continue to the next page.)

5. Researchers in your research group ^{(*1),(*2),(*3)}

(For example: Taro Shizen / Okazaki University Graduate School of Engineering Assistant professor)

Chunli Chen/ Huazhong Agricultural University Professor

6. Outline of research results and future prospects

We unexpectedly found the stem cells are normal except spermatogenesis defects when lack of Topoisomerase 1 α in *Physcomitrium patens*.

7. Publications or publication plan

Gu, Nan; **Chen, Chunli***; Kabeya, Yukiko; **Hasebe, Mitsuyasu**; Tamada Yosuke;
[Topoisomerase 1 \$\alpha\$ is required for synchronous spermatogenesis in *Physcomitrium patens*](#). *New Phytologist*, 2022 234(1). doi: 10.1111/nph.17983.

8. Remarks, if necessary

Due to the impact of the spread of the new coronavirus infection, I was unable to make a business trip as originally planned. To the extent possible, I discussed with professor Mitsuyasu Hasebe, my host researcher, and Dr Masaki Ishikawa, assistant professor in my host lab, via emails and online meeting regarding the next experiments and future schedule.

NOTE:

- (*1) Please provide collaborative researchers' names, institutions, departments and job titles.
- (*2) If you conducted a NIBB workshop, please attach a list of participants as an attachment (Any format is acceptable.)
- (*3) Please obtain approval from each of the collaborative researchers or workshop participants that their name, institution, department, and job title will be disclosed online as described in (Note *4). If you cannot the gain consent, please do not include the name of that collaborative researcher or NIBB workshop participant in this report.
- (*4) Please note that this report will be published on the NIBB website. Concisely describe contents that can be opened online. (<http://www.nibb.ac.jp/collabo/invite/invite.html>)
- (*5) Please note that if there is an error in any of the four items (Category, Research project title, Project number, or Host researcher), the department in charge will correct the error and re-upload the report to the NINS Open Use System (NOUS), an online management system for Collaborative Research Projects. (<https://www.nins.jp/site/nous/>).

2022 年 5 月 14 日

基礎生物学研究所長 殿

（報告者）

所属：金沢大学理工研究域生命理工学系

氏名：伊藤 正樹

下記のとおり実施しましたので報告します。

記

1. 種別（いずれかをチェック☑してください。）

- ☐ 新規モデル生物開発共同利用研究
- ☒ 個別共同利用研究
- ☐ 統合ゲノミクス共同利用研究
- ☐ 統合イメージング共同利用研究
- ☐ 大型スペクトログラフ共同利用実験
- ☐ 生物遺伝資源新規保存技術開発共同利用研究
- ☐ 研究会
- ☐ トレーニングコース実施

2. 研究課題名

植物の細胞周期を抑制する転写因子の研究

3. 課題番号（審査結果通知書及び申請書に記載しています。）

21-237

4. 所内対応者

氏名：長谷部 光泰

（次ページに続く）

5. 共同利用研究分担者 (注1)(注2)(注3)

(記入例：自然大学大学院工学研究科 准教授 岡崎太郎)

・金沢大学理工研究域生命理工学系 高塚大知

6. 研究成果の概要及び今後の展望

シロイヌナズナの GRAS 型転写因子 E1M は、細胞サイズの制御に重要な役割を果たしていることを報告している。E1M は AP 型転写因子と相互作用することにより、SMR ファミリーの CDK 阻害タンパク質をコードする遺伝子を転写活性化し、細胞周期を抑制することを見出している。本年度は、この E1M のヒメツリガネゴケにおけるオルソログの特徴付けや機能解析を行った。ヒメツリガネゴケのゲノム中には E1M オルソログが 2 個 (PpE1M1 と PpE1M2) 存在しており、それぞれのノックアウト株を取得して細胞のサイズを解析した。PpE1M1 ノックアウト株では、原系体次頂端細胞の長さが野生型と比べて有意に短くなったが、PpE1M2 ノックアウト株では大きな違いは見られなかった。また、PpE1M1-GFP および PpE1M2-GFP をネイティブなプロモーター下で発現するコンストラクトをヒメツリガネゴケに導入し、それぞれの発現について解析した。PpE1M1-GFP 株では頂端細胞の核に GFP 蛍光が観察されたが、PpE1M2-GFP は発現が弱くほとんど検出することができなかった。また、PpE1M1-GFP の発現をライブイメージング解析したところ、細胞分裂の直後の娘細胞で強く発現し、その後、発現レベルが低下し、やがて検出できなくなることがわかった。このような細胞周期依存的な発現様式はシロイヌナズナの E1M と類似しており、同様な細胞周期制御の機能を持つものの可能性が推測された。今後は、PpE1M1 と PpE1M2、それぞれのノックアウト株を用いて SMR などの遺伝子発現を解析するほか、RNA-seq による網羅的な解析も検討する。また、PpE1M1 と PpE1M2 の両方を欠失した二重ノックアウト株を取得して同様の解析を進める。さらに、PpE1M1-GFP 株を用いたライブイメージング解析を進め、他の蛍光マーカーと同時に検出することにより、細胞周期中の発現を詳細に解析する。PpE1M1-GFP や PpE1M2-GFP を誘導的に過剰発現する株を作出し、それぞれの細胞内局在について詳細に検討する予定である。

7. 研究成果発表等の予定

ヒメツリガネゴケ E1M オルソログの機能や発現についてデータが集積したら、学会発表や論文発表を行う予定である。

8. 備考

(注1) 記入例に沿って所属先機関名、部局名、職名、氏名を記載してください。

（注２） 研究会の場合は参加者リストを別紙（様式任意）として添付してください。

（注３） 共同利用研究分担者及び研究会参加者各位に、（注４）のとおり所属先機関名、部局名、職名、氏名が公開されることので了承を得てください。情報公開に関する承認が得られなかった場合、承認を得られなかった方の情報は報告書に記載しないようご注意ください。

（注４） 共同利用研究実施報告書は基礎生物学研究所のホームページ（<http://www.nibb.ac.jp/collabo/invite/invite.html>）に公開されます。公開できない内容は省略し、簡潔にご記入ください。

（注５） １．～４．の情報に誤りがあった場合、担当係にて修正の上、自然科学共同利用・共同研究統括システム(NOUS)（<https://www.nins.jp/site/nous/>）に再アップロードしますのでご了承ください。

2022 年 4 月 28 日

基礎生物學研究所長 殿

（報告者）

所属：大阪大学 大学院生命機能研究科

氏名：深川 竜郎

下記のとおり実施しましたので報告します。

記

1. 種別（いずれかをチェック☑してください。）

- ☐ 新規モデル生物開発共同利用研究
- ☒ 個別共同利用研究
- ☐ 統合ゲノミクス共同利用研究
- ☐ 統合イメージング共同利用研究
- ☐ 大型スペクトログラフ共同利用実験
- ☐ 生物遺伝資源新規保存技術開発共同利用研究
- ☐ 研究会
- ☐ トレーニングコース実施

2. 研究課題名

セントロメアタンパク質の発生過程における役割

3. 課題番号（審査結果通知書及び申請書に記載しています。）

21-238

4. 所内対応者

氏名： 藤森 俊彦

（次ページに続く）

5. 共同利用研究分担者 (注1)(注2)(注3)

- ・大阪大学大学院生命機能研究科 助教 原 昌稔
- ・大阪大学大学院生命機能研究科 特任研究員 竹之下憂祐

6. 研究成果の概要及び今後の展望

染色体分配は、染色体上に形成されるキネトコア構造と細胞の極から伸びた紡錘体微小管が適切に結合して遂行される。深川らは、キネトコア構造がどのように形成され、どのように紡錘体微小管と結合するのかについて解析を主に培養細胞を用いて行っているが、最近、キネトコアを構成するタンパク質のうち CENP-C と微小管結合タンパク質複合体 KMN との結合や、CENP-C とクロマチンとの結合を欠損させた培養細胞でも染色体分配がほぼ正常におこるという予想外の結果を得た。しかし、CENP-C の KMN 結合ドメインやクロマチン結合ドメインは、生物間で高度に保存されていることから、初期発生段階など、特殊な環境下での染色体分配では機能しているのではないかという仮説を立てた。これまで、藤森と、CENP-C の KMN 結合ドメインやクロマチン結合ドメインを欠損させたマウスを作成しているが、その表現型解析と、CENP-C と異なる CENP-T タンパク質にも注目して、マウスの初期発生段階でのセントロメアタンパク質の役割について解析することを目的として研究を進めた。本年度は、コロナ禍で共同研究が困難な中、10 日ほど原が基礎生物学研究所滞在中に実験を行った。CENP-C のクロマチン結合ドメインを欠いたマウスは、胎生致死であったが、CENP-C のヌルマウスとは、明らかに異なった表現型を示すことが明らかになった。2022 年度も継続して支援を受けるので、この違いを明らかにする予定である。

7. 研究成果発表等の予定

2021 年に日本分子生物学会の WS でこの内容を発表した。2022 年度の結果と併せて論文文化を目指す。

8. 備考

(注1) 記入例に沿って所属先機関名、部局名、職名、氏名を記載してください。

(注2) 研究会の場合は参加者リストを別紙(様式任意)として添付してください。

(注3) 共同利用研究分担者及び研究会参加者各位に、(注4)のとおり所属先機関名、部局名、職名、氏名が公開されることのできることを了承してください。情報公開に関する承認が得られなかった場合、承認を得られなかった方の情報は報告書に記載しないようご注意ください。

(注4) 共同利用研究実施報告書は基礎生物学研究所のホームページ(<http://www.nibb.ac.jp/collabo/invite/invite.html>)に公開されます。公開できない内容は省略し、簡潔にご記入ください。

(注5) 1. ～ 4. の情報に誤りがあった場合、担当係にて修正の上、自然科学共同利用・共同研究統括システム(NOUS) (<https://www.nins.jp/site/nous/>)に再アップロードしますのでご了承ください。

2022 年 6 月 7 日

基礎生物學研究所長 殿

（報告者）

所属：信州大學理學部

氏名：竹中將起

下記のとおり実施しましたので報告します。

記

1. 種別（いずれかをチェック☑してください。）

- ☐ 新規モデル生物開発共同利用研究
- ☒ 個別共同利用研究
- ☐ 統合ゲノミクス共同利用研究
- ☐ 統合イメージング共同利用研究
- ☐ 大型スペクトログラフ共同利用実験
- ☐ 生物遺伝資源新規保存技術開発共同利用研究
- ☐ 研究会
- ☐ トレーニングコース実施

2. 研究課題名

カゲロウ類を用いた進化的新奇形質である翅と鰓の分子基盤の獲得解明

3. 課題番号（審査結果通知書及び申請書に記載しています。）

21-239

4. 所内対応者

氏名：新美輝幸 （基礎生物學研究所 進化発生研究部門 教授）

（次ページに続く）

5. 共同利用研究分担者 (注1)(注2)(注3)

(記入例：自然大学大学院工学研究科 准教授 岡崎太郎)

・

6. 研究成果の概要及び今後の展望

「昆虫翅」は昆虫進化で重要な新奇形質であるが、昆虫翅の獲得起源に関しては未解決の課題である。本申請課題では翅を獲得した有翅昆虫類の中で最も原始的な系統群であるカゲロウ類に着目し、翅形成に関わる遺伝子やその機能についてモデル生物であるショウジョウバエなどの完全変態類と比較することを目的とした。これまでに、フタスジモンカゲロウのゲノム解読や、トランスクリプトーム解析は済んでおり、フタスジモンカゲロウの翅形成遺伝子については同定済みである。非モデル生物であるフタスジモンカゲロウにおいて翅形成に重要な遺伝子である *vestigial* や *nubbin* の遺伝子の機能解析を実施するために、遺伝子編集である CRISPR/Cas9 の手法確立を目指した。しかし、*in vitro* 系による対象遺伝子の切断は確認できたものの、カゲロウの卵へのインジェクションの手法が確立することができなかった。今後、カゲロウの卵へのインジェクション手法を確立することで、機能解析を実施していく。また、翅形成に重要な遺伝子である *vestigial* の発現パターンを確認するために、フタスジモンカゲロウ用の VG タンパク質のポリクローナル抗体を作製した。カゲロウ類の初期胚は成虫の時期である夏季シーズンのみしか扱うことができず、条件検討を実施する段階にとどまっている。しかし、作製した抗体はウェスタンブロットレベルでは、有効であることを確認しており、今後カゲロウの初期胚における抗体染色を進めていく。これまでに非モデル生物であるカゲロウ類において翅形成に関わる遺伝子の機能解析に関する知見はなく、本研究の成果を生かして研究を進めていくことで、世界に先駆けて、非モデル生物であり系統学的に重要な系統を用いた昆虫の進化における重要な研究に発展できると考えている。

7. 研究成果発表等の予定

2023 年度日本動物学会

8. 備考

(注1) 記入例に沿って所属先機関名、部局名、職名、氏名を記載してください。

(注2) 研究会の場合は参加者リストを別紙(様式任意)として添付してください。

(注3) 共同利用研究分担者及び研究会参加者各位に、(注4)のとおり所属先機関名、部局名、職名、氏名が公開されることの下承を得てください。情報公開に関する承認が得られなかった場合、承認を得られなかった方の情報は報告書に記載しないようご注意ください。

(注4) 共同利用研究実施報告書は基礎生物学研究所のホームページ(<http://www.nibb.ac.jp/collabo/invite/invite.html>)に公開されます。公開できない内容は省略し、簡潔にご記入ください。

(注5) 1. ~ 4. の情報に誤りがあった場合、担当係にて修正の上、自然科学共同利用・共同研究統括システム(NOUS) (<https://www.nins.jp/site/nous/>)に再アップロードしますのでご了承ください。

2022 年 4 月 28 日

基礎生物學研究所長 殿

（報告者）

所属：茨城大学・農学部

氏名：鈴木 義人

下記のとおり実施しましたので報告します。

記

1. 種別（いずれかをチェック☑してください。）

- ☐ 新規モデル生物開発共同利用研究
- ☒ 個別共同利用研究
- ☐ 統合ゲノミクス共同利用研究
- ☐ 統合イメージング共同利用研究
- ☐ 大型スペクトログラフ共同利用実験
- ☐ 生物遺伝資源新規保存技術開発共同利用研究
- ☐ 研究会
- ☐ トレーニングコース実施

2. 研究課題名

ゲノム編集を用いたアブラムシにおけるオーキシシンおよびサイトカイニン生合成酵素候補遺伝子の機能解析

3. 課題番号（審査結果通知書及び申請書に記載しています。）

21-240

4. 所内対応者

氏名： 重信 秀治

（次ページに続く）

5. 共同利用研究分担者 (注1)(注2)(注3)

(記入例：自然大学大学院工学研究科 准教授 岡崎太郎)

- ・ 茨城大学農学研究科 修士1年 吉田響
- ・ 茨城大学農学部 学部4年 内山詩
- ・
- ・

6. 研究成果の概要及び今後の展望

2021年11月24日～25日の二日間、基礎生物学研究所を訪問し、エンドウヒゲナガアブラムシ (*Acyrtosiphon pisum*) のゲノム編集による遺伝子破壊に関する実験手法について実地での練習を通して修得するとともに、研究状況に関する情報交換を通して、今後の方針について確認した。その後、所属大学で特定の遺伝子を対象に遺伝子破壊の作業を行い実験作業の進展は見られたが、卵調製、休眠等に長期間かかるため、本共同研究期間内に未だ具体的な研究成果は挙がっておらず、来年度も継続して共同研究として研究を継続する予定である。

7. 研究成果発表等の予定

現時点で未定

8. 備考

(注1) 記入例に沿って所属先機関名、部局名、職名、氏名を記載してください。

(注2) 研究会の場合は参加者リストを別紙(様式任意)として添付してください。

(注3) 共同利用研究分担者及び研究会参加者各位に、(注4)のとおり所属先機関名、部局名、職名、氏名が公開されることのできることを了承してください。情報公開に関する承認が得られなかった場合、承認を得られなかった方の情報は報告書に記載しないようご注意ください。

(注4) 共同利用研究実施報告書は基礎生物学研究所のホームページ (<http://www.nibb.ac.jp/collabo/invite/invite.html>) に公開されます。公開できない内容は省略し、簡潔にご記入ください。

(注5) 1. ～ 4. の情報に誤りがあった場合、担当係にて修正の上、自然科学共同利用・共同研究統括システム(NOUS) (<https://www.nins.jp/site/nous/>) に再アップロードしますのでご了承ください。

2022 年 5 月 17 日

基礎生物学研究所長 殿

（報告者）

所属：学習院大学

氏名：平川 有宇樹

下記のとおり実施しましたので報告します。

記

1. 種別（いずれかをチェック☑してください。）

- ☐ 新規モデル生物開発共同利用研究
- ☒ 個別共同利用研究
- ☐ 統合ゲノミクス共同利用研究
- ☐ 統合イメージング共同利用研究
- ☐ 大型スペクトログラフ共同利用実験
- ☐ 生物遺伝資源新規保存技術開発共同利用研究
- ☐ 研究会
- ☐ トレーニングコース実施

2. 研究課題名

ゼニゴケ分裂組織における遺伝子発現のイメージング解析

3. 課題番号（審査結果通知書及び申請書に記載しています。）

21-241

4. 所内対応者

氏名： 上田 貴志

（次ページに続く）

5. 共同利用研究分担者 (注1)(注2)(注3)

(記入例：自然大学大学院工学研究科 准教授 岡崎太郎)

・ 学習院大学大学院自然科学研究科 大学院生 高橋剛

・

・

・

6. 研究成果の概要及び今後の展望

植物の分裂組織は未分化な細胞群で構成され、細胞の増殖と分化を調節しながら新たな器官を生み出す成長の源となっている。本研究は、タイ類ゼニゴケの分裂組織内部において蛍光タンパク質の発現を細胞レベルで観察することを目的とした。透明化処理を施した試料を共焦点レーザー顕微鏡で観察することによって、分裂組織内における蛍光タンパク質を細胞レベルで観察することができ、細胞ごとの発現量の違いを検出することができた。今後はさまざまなプロモーターを用いて蛍光タンパク質を発現させることで細胞マーカーを開発できると期待される。

7. 研究成果発表等の予定

本研究成果について、関連する内容とともに 2021 年度に学会発表を実施した。近く論文として発表する予定である。

8. 備考

(注1) 記入例に沿って所属先機関名、部局名、職名、氏名を記載してください。

(注2) 研究会の場合は参加者リストを別紙(様式任意)として添付してください。

(注3) 共同利用研究分担者及び研究会参加者各位に、(注4)のとおり所属先機関名、部局名、職名、氏名が公開されることのできることを了承してください。情報公開に関する承認が得られなかった場合、承認を得られなかった方の情報は報告書に記載しないようご注意ください。

(注4) 共同利用研究実施報告書は基礎生物学研究所のホームページ(<http://www.nibb.ac.jp/collabo/invite/invite.html>)に公開されます。公開できない内容は省略し、簡潔にご記入ください。

(注5) 1. ～ 4. の情報に誤りがあった場合、担当係にて修正の上、自然科学共同利用・共同研究統括システム(NOUS)(<https://www.nins.jp/site/nous/>)に再アップロードしますのでご了承ください。

2022 年 5 月 1 日

基礎生物學研究所長 殿

（報告者）

所属：奈良教育大学・理科教育講座

氏名：小長谷達郎

下記のとおり実施しましたので報告します。

記

1. 種別（いずれかをチェック☑してください。）

- ☐ 新規モデル生物開発共同利用研究
- ☒ 個別共同利用研究
- ☐ 統合ゲノミクス共同利用研究
- ☐ 統合イメージング共同利用研究
- ☐ 大型スペクトログラフ共同利用実験
- ☐ 生物遺伝資源新規保存技術開発共同利用研究
- ☐ 研究会
- ☐ トレーニングコース実施

2. 研究課題名

鱗翅目昆虫の無核精子の特性に関する研究

3. 課題番号（審査結果通知書及び申請書に記載しています。）

21-242

4. 所内対応者

氏名：新美輝幸

（次ページに続く）

5. 共同利用研究分担者 (注1)(注2)(注3)

(記入例：自然大学大学院工学研究科 准教授 岡崎太郎)

・奈良教育大学理科教育講座 准教授 小長谷達郎

6. 研究成果の概要及び今後の展望

ほとんどの鱗翅目昆虫のオスは、授精能力を有する有核精子に加えて、授精能力のない無核精子を生産する。無核精子の数は非常に多く、チョウ類では全精子の9割が無核精子である。そのため、無核精子の機能と存在意義が長らく議論の対象となってきた。

本研究では無核精子の移動に着目し、移動に関わる物質を単離するための予備的実験をおこなった。ただし、新型コロナウイルスの感染拡大により十分な回数の実験をおこなえなかった。引き続き無核精子の特性の解明に向けた実験を継続する予定である。

7. 研究成果発表等の予定

現時点では未定である。

8. 備考

(注1) 記入例に沿って所属先機関名、部局名、職名、氏名を記載してください。

(注2) 研究会の場合は参加者リストを別紙(様式任意)として添付してください。

(注3) 共同利用研究分担者及び研究会参加者各位に、(注4)のとおり所属先機関名、部局名、職名、氏名が公開されることの下承を得てください。情報公開に関する承認が得られなかった場合、承認を得られなかった方の情報は報告書に記載しないようご注意ください。

(注4) 共同利用研究実施報告書は基礎生物学研究所のホームページ(<http://www.nibb.ac.jp/collabo/invite/invite.html>)に公開されます。公開できない内容は省略し、簡潔にご記入ください。

(注5) 1.～4.の情報に誤りがあった場合、担当係にて修正の上、自然科学共同利用・共同研究統括システム(NOUS) (<https://www.nins.jp/site/nous/>)に再アップロードしますのでご了承ください。

統合ゲノミクス共同利用研究

- 21-301 ラン科植物シランを用いた寄生的菌根共生システムの解明
上中 弘典 鳥取大学農学部
- 21-302 スギの全ゲノム配列の解読
上野 真義 森林研究・整備機構森林総合研究所
- 21-303 赤潮抵抗性の異なるブリの比較トランスクリプトーム解析
紫加田 知幸 水産研究・教育機構水産技術研究所
- 21-304 p53 誘導性プロテインホスファターゼ PPM1D およびそのファミリーの機能解
明
坂口 和靖 北海道大学大学院理学研究院
- 21-305 アキノキリンソウ群（キク科）の生態ゲノム学的研究
阪口 翔太 京都大学大学院人間・環境学研究科
- 21-306 実用珪藻キートセラスのゲノム解析と遺伝子発現データベースの構築
伊福 健太郎 京都大学大学院生命科学研究科
- 21-307 ゼノパスの四肢再生と皮膚再生で発現する遺伝子の網羅的解析
横山 仁 弘前大学農学生命科学部
- 21-308 異なる染色体レース間に見られる遺伝構造：サッポロフキバッタを用いた解析
立田 晴記 九州大学大学院理学研究院
- 21-309 アリ類の新奇カーストの分化決定を司る遺伝的基盤の解明
宮崎 智史 玉川大学農学部
- 21-310 爬虫類における温度依存型性決定のメカニズム解析
宮川 信一 東京理科大学基礎工学部
- 21-311 昆虫新奇形質の形成メカニズムの解明
新美 輝幸 基礎生物学研究所進化発生研究部門

- 21-312 道管液のペプチドミクス・プロテオミクスを用いた地下部-地上部間の相互作用の探索
岡本 暁 新潟大学農学部
- 21-313 薬用植物トコンの不定芽形成過程に発現する遺伝子の RNA-seq を用いた網羅的解析
梅原 三貴久 東洋大学生命科学部
- 21-314 オミクス解析によるアリをめぐる生物間相互作用の分子基盤研究
北條 賢 関西学院大学生命環境学部
- 21-315 麹菌 *Aspergillus oryzae* の比較ゲノムによる多様性創出機構の解明
丸山 潤一 東京大学大学院農学生命科学研究科
- 21-316 新しい進化指標を用いての数十億年前の生体システムの仕組みの解析
堀越 正美 東京大学定量生命科学研究所
- 21-317 タツノオトシゴの育児嚢の形成に関わる分化因子の探査
川口 眞理 上智大学理工学部物質生命理工学科
- 21-318 ゼブラフィッシュ精原細胞で発現する rRNA の解析
酒井 則良 国立遺伝学研究所遺伝形質研究系
- 21-319 上皮恒常性維持過程における平面内細胞極性の維持機構の解明
藤森 俊彦 基礎生物学研究所初期発生研究部門
- 21-320 有用海産甲殻類の成長と生殖を制御する内分泌動態の解明
豊田 賢治 新潟大学佐渡自然共生科学センター臨海実験所
- 21-321 軟体動物クサイロアオガイのゲノム解読と系統特異的転写因子の役割の解明
守野 孔明 筑波大学生命環境系
- 21-322 scRNA-seq から探る進化的に保存された脊椎動物器官形成期の細胞構成解明
入江 直樹 東京大学大学院理学系研究科

- 21-323 膵 β 細胞の恒常性維持に必要な転写後制御の解析
柳谷 朗子 沖縄科学技術大学院大学細胞シグナルユニット
- 21-324 アンプリコン解析用ソフトウェア (CLiCKAR: click to analyze pooled amplicon sequence data using R) の大規模計算機システムでの運用
飯田 緑 九州工業大学大学院情報工学研究院
- 21-325 昆虫の性行動・社会行動のゲノム基盤解析
岡田 泰和 東京都立大学理学部
- 21-326 送粉適応した花形質の進化：夜咲きの遺伝子基盤と進化過程の解明
新田 梢 麻布大学生命・環境科学部
- 21-327 ホタルにおける発光形質の進化プロセスの解明と地域個体群の保全を志向した、
ポストホタルゲノムとしてのメタボロミクスとリシーケンス解析
大場 裕一 中部大学応用生物学部
- 21-328 一塩基分解能メチローム解読に基づくピロリ菌エピゲノム進化の解析
小林 一三 法政大学マイクロ・ナノテクノロジー研究センター
- 21-329 昆虫-微生物共生可能性の探索と分子基盤の解明
古賀 隆一 産業技術総合研究所生物プロセス研究部門
- 21-330 ゲノム解析、及びトランスクリプトーム解析によるネコブセンチュウの病原性機構の解明
門田 康弘 理化学研究所環境資源科学研究センター
- 21-331 PacBio Sequencer を用いた DNA ミスマッチ直接検出法の確立
竹本 訓彦 国立国際医療研究センター感染症制御研究部
- 21-332 有害赤潮原因種ヘテロカプサの毒性発現機構の解明
山崎 康裕 水産研究・教育機構水産大学校
- 21-333 Homeostatic plasticity の制御機構の解明
高木 豪 愛知県医療療育総合センター発達障害研究所

- 21-334 ATAC-seq とシマヘビのゲノム解読による種に固有の仙椎の位置決定機構の解明
鈴木 孝幸 名古屋大学大学院生命農学研究科
- 21-335 メダカ全脳シングルセルトランスクリプトームリファレンスアトラス作成
竹内 秀明 東北大学大学院生命科学研究科
- 21-336 栄養摂取に応じた腸内分泌細胞の脱分化メカニズム解析
長井 広樹 東北大学学際科学フロンティア研究所
- 21-337 プラナリア無性個体の「性」への貢献：幹細胞の変異が果たして多様性を産むか？
小林 一也 弘前大学農学生命科学部
- 21-338 茎寄生植物ネナシカズラの特定ゲノム領域の選択的取得
青木 考 大阪府立大学生命環境科学研究科
- 21-339 真核生物ゲノムにおけるドメインレベルのオーソログ分類
千葉 啓和 情報・システム研究機構ライフサイエンス統合データベースセンター
- 21-340 シングルセルトランスクリプトーム・エピゲノム解析による植物幹細胞化過程の細胞運命解析
玉田 洋介 宇都宮大学工学部
- 21-341 プロテオーム解析を用いた糖化反応制御によるニワトリ骨格筋増加メカニズムの解明
牧野 良輔 愛媛大学大学院農学研究科
- 21-342 イチジクカサン *Trilocha varians* の W 染色体の配列決定
李 允求 学習院大学理学部
- 21-343 HapSTR 解析が明らかにする人類のポリグルタミン多様化
嶋田 誠 藤田医科大学総合医科学研究所
- 21-344 コメ類のメタボローム解析
川島 武士 国立遺伝学研究所生命情報・DDBJ センター

- 21-345 ブタの繁殖能力と DNA 多型の相関における純粋種と交雑種の比較
松永 久恵 愛知県農業総合試験場環境基盤研究部
- 21-346 マウス生殖細胞の不均一性と系譜動態の網羅的解析
吉田 松生 基礎生物学研究所生殖細胞研究部門
- 21-347 単一細胞核トランスクリプトーム解析によるゼニゴケ油体周期の実体解明
上田 貴志 基礎生物学研究所細胞動態研究部門
- 21-348 脳の左右を決定する遺伝子変異
重本 隆一 IST AustriaMolecular Neuroscience
- 21-349 真骨魚の胸ヒレ形態進化に関わる遺伝発生学情報の解析
阿部 玄武 東北大学大学院生命科学研究所
- 21-350 油中水滴の変形能を利用した微生物スクリーニングによる多糖類ゲル分解酵素遺伝子の取得
飯塚 怜 東京大学大学院理学系研究科
- 21-351 高速シーケンス解析から解き明かす LZY1 による植物発生機構
川本 望 基礎生物学研究所植物環境応答研究部門
- 21-352 トドマツのドラフトゲノム解読
後藤 晋 東京大学大学院農学生命科学研究科
- 21-353 Patch-seq を用いた大脳皮質抑制性サブタイプの機能解析
森島 美絵子 東京慈恵会医科大学総合医科学研究センター臨床医学研究所
- 21-354 ヒト固有 NOTCH2NL 遺伝子による脳発達の揺らぎと脳進化方向性の研究
鈴木 郁夫 東京大学大学院理学系研究科
- 21-355 求愛歌選好性をコードする聴覚神経回路における種間トランスクリプトーム比較
石川 由希 名古屋大学大学院理科学研究科
- 21-357 ニワトリ胚とエミュー胚の肢芽の single cell RNA シーケンス解析
田中 幹子 東京工業大学生命理工学院

21-358 トランスクリプトームのゆらぎがもたらす新規ニッチへの進出能力の解明に向けた遺伝基盤解析

石川 麻乃 東京大学大学院新領域創成科学研究科

2022 年 4 月 25 日

基礎生物学研究所長 殿

（報告者）

所属：鳥取大学農学部

氏名：上中弘典

下記のとおり実施しましたので報告します。

記

1. 種別（いずれかをチェック☑してください。）

- ☐ 新規モデル生物開発共同利用研究
- ☐ 個別共同利用研究
- ☒ 統合ゲノミクス共同利用研究
- ☐ 統合イメージング共同利用研究
- ☐ 大型スペクトログラフ共同利用実験
- ☐ 生物遺伝資源新規保存技術開発共同利用研究
- ☐ 研究会
- ☐ トレーニングコース実施

2. 研究課題名

ラン科植物シランを用いた寄生的菌根共生システムの解明

3. 課題番号（審査結果通知書及び申請書に記載しています。）

21-301

4. 所内対応者

氏名：重信秀治

（次ページに続く）

5. 共同利用研究分担者 (注1)(注2)(注3)

(記入例：自然大学大学院工学研究科 准教授 岡崎太郎)

- ・基礎生物学研究所共生システム研究部門 教授 川口正代司
- ・基礎生物学研究所生物機能解析センター 技術職員 山口勝司
- ・千葉大学教育学部 教授 大和政秀
- ・瑞穂町郷土資料館けやき館 学芸員 谷亀高広
- ・鳥取大学農学部 JSPS 特別研究員 三浦千裕
- ・鳥取大学大学院連合農学研究科 大学院生(博士) 富永貴哉
- ・鳥取大学大学院連合農学研究科 大学院生(博士) ガリー チェルシー プジャサトリア

6. 研究成果の概要及び今後の展望

植物の寄生的菌根共生システムの解明を目的に、共生菌を用いてラン科植物のシラン(紫蘭: *Bletilla striata*) を共生発芽させたサンプルについて、これまでに RNA-seq を行い、データ解析を行った。その結果、共生に関連する遺伝子を含む多く遺伝子が、共生菌を用いずに発芽させた場合でも共通して変動することが明らかになった。これらデータ解析を完了し、本年度学術論文を投稿する予定であった。しかし、主担当者(三浦)が出産・育児のため休職しており、研究活動が滞っているのが現状である。2022 年 4 月より復帰予定である。

またゲノム配列については、アノテーションの付加を行い、他のラン科植物のゲノムデータとの比較を行った結果、ラン科植物特有の重複遺伝子群が存在することが明らかになっている。前年度に Hi-C 法を用いたシーケンスによる染色体構造の解析も行い、ラン科植物の中でも質の高いゲノム情報を得ることで、他の既報のラン科植物のゲノム配列との差別化を行っている。

コロナ禍の影響で、昨年度に引き続き本年度も一度も基礎生物学研究所へ訪問できなかった。研究の進捗の発表や論文のまとめ方についての打ち合わせができなかったため、次年度は是非訪問したい。

寄生的菌根共生システムに関連する研究を重信教授らと共同で実施し、以下の論文を公表した。

Tominaga, T., Miura, C., Sumigawa, Y., Hirose, Y., Yamaguchi, K., Shigenobu, S., Mine, A. and Kaminaka, H.: Conservation and diversity in gibberellin-mediated transcriptional responses among host plants forming distinct arbuscular mycorrhizal morphotypes. *Frontiers in Plant Science*, 12, 795695 (2021)

7. 研究成果発表等の予定

既に得られたトランスクリプトームのデータについては生理学的な解析データと合わせての論文を、主担当者が復帰する 2022 年度に完成させたい。ゲノム解析に関しても、次年度不足する実験データを実施するとともに、論文の執筆も始め、早めに論文投稿できるようにしたい。重信教授らと共同で実施している寄生的菌根共生システムに

関連する様々な研究についても、次年度以降論文として順次発表していく予定である。

8. 備考

(注1) 記入例に沿って所属先機関名、部局名、職名、氏名を記載してください。

(注2) 研究会の場合は参加者リストを別紙(様式任意)として添付してください。

(注3) 共同利用研究分担者及び研究会参加者各位に、(注4)のとおり所属先機関名、部局名、職名、氏名が公開されることので了承を得てください。情報公開に関する承認が得られなかった場合、承認を得られなかった方の情報は報告書に記載しないようご注意ください。

(注4) 共同利用研究実施報告書は基礎生物学研究所のホームページ(<http://www.nibb.ac.jp/collabo/invite/invite.html>)に公開されます。公開できない内容は省略し、簡潔にご記入ください。

(注5) 1.～4.の情報に誤りがあった場合、担当係にて修正の上、自然科学共同利用・共同研究統括システム(NOUS) (<https://www.nins.jp/site/nous/>)に再アップロードしますのでご了承ください。

基礎生物学研究所共同利用研究実施報告書（2021年度）

2022年4月28日

基礎生物学研究所長 殿

（報告者）国立研究開発法人森林研究・整備機構

所属：森林総合研究所樹木分子遺伝研究領域

氏名：上野真義

下記のとおり実施しましたので報告します。

記

1. 種別（いずれかをチェック☑してください。）

- ☐ 新規モデル生物開発共同利用研究
- ☐ 個別共同利用研究
- ☒ 統合ゲノミクス共同利用研究
- ☐ 統合イメージング共同利用研究
- ☐ 大型スペクトログラフ共同利用実験
- ☐ 生物遺伝資源新規保存技術開発共同利用研究
- ☐ 研究会
- ☐ トレーニングコース実施

2. 研究課題名

スギの全ゲノム配列の解読

3. 課題番号（審査結果通知書及び申請書に記載しています。）

21-302

4. 所内対応者

氏名： 重信秀治

（次ページに続く）

5. 共同利用研究分担者 (注1)(注2)(注3)

(記入例：自然大学大学院工学研究科 准教授 岡崎太郎)

- ・東京大学大学院新領域創成科学研究科 准教授 笠原雅弘
- ・東京大学大学院新領域創成科学研究科 特任研究員 藤野健
- ・森林総合研究所樹木分子遺伝研究領域 室長 伊原徳子
- ・森林総合研究所樹木分子遺伝研究領域 室長 内山憲太郎
- ・森林総合研究所樹木分子遺伝研究領域 研究員 伊津野彩子
- ・新潟大学大学院自然科学研究科 准教授 森口喜成
- ・新潟大学自然科学系 特任助教 角井宏行

6. 研究成果の概要及び今後の展望

2021年度のスギのゲノム解読は、昨年度までに確立された高分子量 DNA の抽出方法により抽出された DNA、Pacific Biosciences (PacBio) 社のシーケンサーから得られる HiFi リード、および染色体レベルの連結情報を保持した Hi-C ライブラリーから得られる配列を収集することで大きく進展した。HiFi リードは遺伝研の協力も得てスギゲノムの 28.8 倍量に相当する高品質なデータを得ることができ、Hifiasm アセンブラーを使用してアセンブルしたところ、2,651 本のコンティグからなる総長 9.1 Gbp のアセンブルされた配列 (N50 コンティグ長は 12.0 Mbp) が完成した。連鎖地図を利用してアセンブリの精度を検証したところキメラと判定されるコンティグは存在せず、高精度のコンティグ配列と考えられた。さらに真核生物の主要なシングルコピーの遺伝子の 88.9%が完全長の配列として検出されことから網羅性の高いアセンブリであると考えられた。Hi-C ライブラリーは Dovetail 社のキットを使用し、プロトコルを改変することでライブラリー作成に成功し、Illumina 社のシーケンサーにより 142 Gbp の配列を収集した。Hi-C ライブラリーの情報で HiFi のコンティグを整列させたところ、97%の配列を 11 本の scaffold にまとめることができた。スギゲノムは 11 本の染色体からなることから染色体レベルのアセンブリに目処がたった。この染色体レベルで連結したゲノム配列を使用し、雄性不稔遺伝子 (*MS2*) の候補遺伝子を連鎖解析により同定した。今後は遺伝子の同定に関して取りまとめて論文執筆を行うとともに、ゲノム配列の解読に関してはトランスポゾンなどの繰り返し配列やタンパク質をコードする遺伝子についての注釈付、近縁種とのシンテニーの解析などを行い論文執筆を進める予定である。また昨年度までに収集したデータ、特に Oxford Nanopore Technologies 社のシーケンサーで収集した超ロングリードのデータを統合し、ゲノム配列を改良する方法についても検討したい。

7. 研究成果発表等の予定

雄性不稔遺伝子 (*MS4*) については昨年度までに得られていたドラフトゲノム配列を用いた連鎖解析により候補遺伝子が同定されたため、その機能解析をシロイヌナズナの変異体を用いて行った。この成果を第 141 回日本育種学会で発表し、論文原稿をプレプリントサーバーBioRxiv にアップロードした。現在、査読済論文として掲載されることを目指し学術雑誌に投稿中である。

8. 備考

(注1) 記入例に沿って所属先機関名、部局名、職名、氏名を記載してください。

（注２） 研究会の場合は参加者リストを別紙（様式任意）として添付してください。

（注３） 共同利用研究分担者及び研究会参加者各位に、（注４）のとおり所属先機関名、部局名、職名、氏名が公開されることので了承を得てください。情報公開に関する承認が得られなかった場合、承認を得られなかった方の情報は報告書に記載しないようご注意ください。

（注４） 共同利用研究実施報告書は基礎生物学研究所のホームページ（<http://www.nibb.ac.jp/collabo/invite/invite.html>）に公開されます。公開できない内容は省略し、簡潔にご記入ください。

（注５） １．～４．の情報に誤りがあつた場合、担当係にて修正の上、自然科学共同利用・共同研究統括システム(NOUS)（<https://www.nins.jp/site/nous/>）に再アップロードしますのでご了承ください。

基礎生物学研究所共同利用研究実施報告書（2021 年度）

2022 年 4 月 28 日

基礎生物学研究所長 殿

（報告者）

所属：国立研究開発法人 水産研究・教育機構 水産技術研究所

氏名：紫加田 知幸

下記のとおり実施しましたので報告します。

記

1. 種別（いずれかをチェック☑してください。）

- ☐ 新規モデル生物開発共同利用研究
- ☐ 個別共同利用研究
- ☒ 統合ゲノミクス共同利用研究
- ☐ 統合イメージング共同利用研究
- ☐ 大型スペクトログラフ共同利用実験
- ☐ 生物遺伝資源新規保存技術開発共同利用研究
- ☐ 研究会
- ☐ トレーニングコース実施

2. 研究課題名

赤潮抵抗性の異なるブリの比較トランスクリプトーム解析

3. 課題番号（審査結果通知書及び申請書に記載しています。）

21-303

4. 所内対応者

氏名：内山 郁夫 准教授

（次ページに続く）

5. 共同利用研究分担者 (注1)(注2)(注3)

(記入例：自然大学大学院工学研究科 准教授 岡崎太郎)

- ・国立研究開発法人水産研究・教育機構 水産技術研究所 研究員 秋田 一樹
- ・国立研究開発法人水産研究・教育機構 水産技術研究所 任期付研究員 湯浅 光貴
- ・東邦大学 薬学部 高橋 文雄

6. 研究成果の概要及び今後の展望

赤潮による養殖魚のへい死メカニズムを解明するための研究基盤を構築することを目的とし、赤潮抵抗性の異なるブリ家系間で発現遺伝子の比較を行うことを計画していた。しかし、ブリの種苗生産がうまくいかなかったため、マテリアルを準備できず、研究計画を実施できなかった。今後、別の枠組みでの対応となるが、親魚選抜及び一対一交配後、ブリの種苗生産と赤潮抵抗性評価を行って、本研究計画を推進する予定である。

7. 研究成果発表等の予定

なし。

8. 備考

(注1) 記入例に沿って所属先機関名、部局名、職名、氏名を記載してください。

(注2) 研究会の場合は参加者リストを別紙(様式任意)として添付してください。

(注3) 共同利用研究分担者及び研究会参加者各位に、(注4)のとおり所属先機関名、部局名、職名、氏名が公開されることの下承を得てください。情報公開に関する承認が得られなかった場合、承認を得られなかった方の情報は報告書に記載しないようご注意ください。

(注4) 共同利用研究実施報告書は基礎生物学研究所のホームページ(<http://www.nibb.ac.jp/collabo/invite/invite.html>)に公開されます。公開できない内容は省略し、簡潔にご記入ください。

(注5) 1.～4.の情報に誤りがあった場合、担当係にて修正の上、自然科学共同利用・共同研究統括システム(NOUS) (<https://www.nins.jp/site/nous/>)に再アップロードしますのでご了承ください。

2022 年 5 月 31 日

基礎生物学研究所長 殿

（報告者）

所属： 北海道大学

氏名： 坂口 和靖

下記のとおり実施しましたので報告します。

記

1. 種別（いずれかをチェック☑してください。）

- ☐ 新規モデル生物開発共同利用研究
- ☐ 個別共同利用研究
- ☒ 統合ゲノミクス共同利用研究
- ☐ 統合イメージング共同利用研究
- ☐ 大型スペクトログラフ共同利用実験
- ☐ 生物遺伝資源新規保存技術開発共同利用研究
- ☐ 研究会
- ☐ トレーニングコース実施

2. 研究課題名

p53 誘導性プロテインホスファターゼ PPM1D およびそのファミリーの機能解明

3. 課題番号（審査結果通知書及び申請書に記載しています。）

21-304

4. 所内対応者

氏名： 重信 秀治

（次ページに続く）

5. 共同利用研究分担者 (注1)(注2)(注3)

(記入例：自然大学大学院工学研究科 准教授 岡崎太郎)

- ・北海道大学大学院総合化学院 准教授 鎌田瑠泉
- ・北海道大学大学院理学研究院 博士課程2年 谷愛海
- ・北海道大学大学院理学研究院 博士課程1年 坂口周弥
- ・北海道大学大学院理学研究院 修士課程2年 宇野早映

6. 研究成果の概要及び今後の展望

癌抑制タンパク質 p53 誘導性 Ser/Thr ホスファターゼ PPM1D は DNA 損傷やストレス依存的に発現誘導され、細胞周期停止・アポトーシスを誘導する p53, ATM の脱リン酸化・不活性化を介して細胞周期の恒常性を維持している近年、PPM1D が免疫応答や精子形成、グルコース恒常性維持など、様々な細胞内機能に関与していることが示唆されている。さらに我々は、PPM1D の重要な上流タンパク質 p53 がアミノ酸代謝において重要な機能を持つことを見出している。本研究の目的は、好中球分化・成熟、代謝における PPM1D と、その上流タンパク質である p53 の機能を解明することである。

これまで、好中球の分化モデル細胞 HL-60 を用い、PPM1D を阻害して分化誘導した細胞が免疫抑制的な機能を持つサブセットに分化することを見出している。さらに、PPM1D 阻害剤 SL-176 により PPM1D を阻害し、分化誘導前後におけるスプライシング変動が見られた遺伝子 ATF2 および CEACAM3 を同定している。2021 年度は、PPM1D 阻害細胞において特異的にみられたスプライスバリエント ATF2-ΔN および CEACAM3-ΔTM に対するポリクローナル抗体を作製した。さらに、各分化過程における細胞について miRNA-seq を実施し、PPM1D により制御されている複数の miRNA を同定した。

今後、同定した miRNA やスプライシング変化が見られた遺伝子 ATF2, CEACAM3 について、好中球分化および機能制御における機能解析を進め、PPM1D のスプライシング制御を介した好中球サブセットの制御機構解明が期待される。

7. 研究成果発表等の予定

36th European Peptide Symposium/12th International Peptide Symposium (2022 年 8 月 28 日～9 月 2 日) にて発表予定

8. 備考

(注1) 記入例に沿って所属先機関名、部局名、職名、氏名を記載してください。

(注2) 研究会の場合は参加者リストを別紙(様式任意)として添付してください。

(注3) 共同利用研究分担者及び研究会参加者各位に、(注4)のとおり所属先機関名、部局名、職名、氏名が公開されることのできることを得てください。情報公開に関する承認が得られなかった場合、承認を得られなかった方の情報は報告書に記載しないようご注意ください。

(注4) 共同利用研究実施報告書は基礎生物学研究所のホームページ (<http://www.nibb.ac.jp/collabo/invite/invite.html>) に公開されます。公開できない内容は省略し、

簡潔にご記入ください。

(注5) 1. ～ 4. の情報に誤りがあった場合、担当係にて修正の上、自然科学共同利用・共同研究統括システム(NOUS) (<https://www.nins.jp/site/nous/>) に再アップロードしますのでご了承ください。

2022 年 5 月 1 日

基礎生物学研究所長 殿

（報告者）

所属：京都大学人間・環境学研究科

氏名：阪口翔太

下記のとおり実施しましたので報告します。

記

1. 種別（いずれかをチェック☑してください。）

- ☐ 新規モデル生物開発共同利用研究
- ☐ 個別共同利用研究
- ☒ 統合ゲノミクス共同利用研究
- ☐ 統合イメージング共同利用研究
- ☐ 大型スペクトログラフ共同利用実験
- ☐ 生物遺伝資源新規保存技術開発共同利用研究
- ☐ 研究会
- ☐ トレーニングコース実施

2. 研究課題名

アキノキリンソウ群（キク科）の生態ゲノム学的研究

3. 課題番号（審査結果通知書及び申請書に記載しています。）

21-305

4. 所内対応者

氏名：

重信秀治教授

（次ページに続く）

5. 共同利用研究分担者 (注1)(注2)(注3)

(記入例：自然大学大学院工学研究科 准教授 岡崎太郎)

・該当なし

6. 研究成果の概要及び今後の展望

本年度はキク科アキノキリンソウ複合種における生態適応に関わるゲノム領域の抽出を目的に研究を実施した。研究材料として沖縄本島内で溪流帯と海岸環境に局所適応した2種の姉妹種（ヤンバルアオヤギバナおよびシマコガネギク）に着目し、交配前隔離として機能する開花時期の違いと溪流帯での洪水適応に関わる狭葉化指数のQTL解析を行った。その結果、開花期QTLとして3つの連鎖群上に有意なLODスコアのピークが検出された。狭葉化指数のQTLとしては第9連鎖群上に有意な関連領域が存在した。これらのQTL領域において、分岐自然選択下にある遺伝子群を絞り込むため、2種の野生集団からサンプルを得て、pool-seq法によって遺伝的多型データを得た。pool-seqデータから推定したFst値に基づくゲノムスキャン解析を行い、QTL領域内で顕著な遺伝的分化を示す領域を絞ったところ、開花期QTL内の分化領域のなかにジベレリン経路に関わる遺伝子が2つ見つかった。狭葉化指数についても同様の絞り込みを行うと、シロイヌナズナ変異体で細い葉形を示す遺伝子が候補領域に含まれることが分かった。こうした遺伝子は2者間の生態的隔離に関与する可能性があり、今後は遺伝子発現解析等を進めていく予定である。

7. 研究成果発表等の予定

未定

8. 備考

(注1) 記入例に沿って所属先機関名、部局名、職名、氏名を記載してください。

(注2) 研究会の場合は参加者リストを別紙(様式任意)として添付してください。

(注3) 共同利用研究分担者及び研究会参加者各位に、(注4)のとおり所属先機関名、部局名、職名、氏名が公開されることのできることを了承してください。情報公開に関する承認が得られなかった場合、承認を得られなかった方の情報は報告書に記載しないようご注意ください。

(注4) 共同利用研究実施報告書は基礎生物学研究所のホームページ(<http://www.nibb.ac.jp/collabo/invite/invite.html>)に公開されます。公開できない内容は省略し、簡潔にご記入ください。

(注5) 1.～4.の情報に誤りがあった場合、担当係にて修正の上、自然科学共同利用・共同研究統括システム(NOUS) (<https://www.nins.jp/site/nous/>)に再アップロードしますのでご了承ください。

2022 年 4 月 11 日

基礎生物學研究所長 殿

（報告者）

所属：京都大学大学院農学研究科

氏名：伊福 健太郎

下記のとおり実施しましたので報告します。

記

1. 種別（いずれかをチェック☑してください。）

- ☐ 新規モデル生物開発共同利用研究
- ☐ 個別共同利用研究
- ☒ 統合ゲノミクス共同利用研究
- ☐ 統合イメージング共同利用研究
- ☐ 大型スペクトログラフ共同利用実験
- ☐ 生物遺伝資源新規保存技術開発共同利用研究
- ☐ 研究会
- ☐ トレーニングコース実施

2. 研究課題名

実用珪藻キートセラスのゲノム解析と遺伝子発現データベースの構築

3. 課題番号（審査結果通知書及び申請書に記載しています。）

21-306

4. 所内対応者

氏名：内山 郁夫

（次ページに続く）

5. 共同利用研究分担者 (注1)(注2)(注3)

- ・兵庫県立大学大学院生命理科学研究科 准教授 菓子野康浩
- ・京都大学大学院生命科学研究科 大学院生 熊沢穰

6. 研究成果の概要及び今後の展望

本研究は、ゲノム情報、遺伝子発現解析、ゲノム編集による変異体解析、構造情報を合わせて、学術的にも産業的にも利用価値があるツノケイソウの光環境応答・適応機構の解明を目指すものである。昨年度までに、本共同利用研究で構築したゲノムデータベースを ChaetoBase ver. 1 (<https://chaetoceros.nibb.ac.jp/>) として一般に公開した。その情報は、ツノケイソウの集光性色素タンパク質遺伝子 (FCP) の全容解明 (Kumazawa et al. 2022)、ゲノム編集による変異体の作成 (投稿準備中) や、ツノケイソウ光化学系の立体構造解析 (Nagao et al. 2020, 2022) などの成果につながった。

現在、すでにロングリードの次世代シーケンサーのデータを用いて、さらに精度の高いツノケイソウドラフトゲノムを取得している。また、ツノケイソウ特有の遺伝子機能解明に向けて、様々な環境条件で培養した細胞に由来する mRNA 発現情報を収集した。それらを用いて、さらに情報を充実させた ChaetoBase ver. 2 を新たに構築、公開予定である。並行して、ゲノム編集による変異体作成を通して、標的 FCP の環境応答・適応機構における分子機能解析を進める。

7. 研究成果発表等の予定

ツノケイソウのゲノム編集に関する論文を作成し、共著として出版する。また、ChaetoBase ver. 2 の公開に向けて、新しい配列情報などの公共データベースへの登録を行う。そちらの関連論文が掲載され次第、整備したゲノムデータベースの Web サイトを公開し、広く研究コミュニティに利用してもらえようとする。

8. 備考

(注1) 記入例に沿って所属先機関名、部局名、職名、氏名を記載してください。

(注2) 研究会の場合は参加者リストを別紙 (様式任意) として添付してください。

(注3) 共同利用研究分担者及び研究会参加者各位に、(注4) のとおり所属先機関名、部局名、職名、氏名が公開されることのできることを了承してください。情報公開に関する承認が得られなかった場合、承認を得られなかった方の情報は報告書に記載しないようご注意ください。

(注4) 共同利用研究実施報告書は基礎生物学研究所のホームページ (<http://www.nibb.ac.jp/collabo/invite/invite.html>) に公開されます。公開できない内容は省略し、簡潔にご記入ください。

(注5) 1. ~ 4. の情報に誤りがあった場合、担当係にて修正の上、自然科学共同利用・共同研究統括システム (NOUS) (<https://www.nins.jp/site/nous/>) に再アップロードしますのでご了承ください。

基礎生物学研究所共同利用研究実施報告書（2021年度）

2022年5月28日

基礎生物学研究所長 殿

（報告者）

所属：弘前大学農学生命科学部

氏名：横山仁

下記のとおり実施しましたので報告します。

記

1. 種別（いずれかをチェック☑してください。）

- ☐ 新規モデル生物開発共同利用研究
- ☐ 個別共同利用研究
- ☒ 統合ゲノミクス共同利用研究
- ☐ 統合イメージング共同利用研究
- ☐ 大型スペクトログラフ共同利用実験
- ☐ 生物遺伝資源新規保存技術開発共同利用研究
- ☐ 研究会
- ☐ トレーニングコース実施

2. 研究課題名

ゼノパスの四肢再生と皮膚再生で発現する遺伝子の網羅的解析

3. 課題番号（審査結果通知書及び申請書に記載しています。）

21-307

4. 所内対応者

氏名： 内山郁夫

（次ページに続く）

5. 共同利用研究分担者 (注1)(注2)(注3)

(記入例：自然大学大学院工学研究科 准教授 岡崎太郎)

- ・基礎生物学研究所 教授 重信秀治
- ・弘前大学大学院農学生命科学研究科 大学院生 小西歩実
- ・弘前大学大学院農学生命科学研究科 大学院生 横山響
- ・弘前大学大学院農学生命科学研究科 大学院生 奈良咲
- ・弘前大学農学生命科学部 学部学生 菊池大雅
- ・弘前大学農学生命科学部 学部学生 佐々木治斗
- ・弘前大学農学生命科学部 学部学生 樋口 晃尋

6. 研究成果の概要及び今後の展望

前年度までにネッタイツメガエルを材料にして、再生能力が高い幼生と再生能力が低い成体の四肢を対象にして RNA-seq を行い、幼生の四肢再生において特異的に発現量が高い遺伝子群 (DEG) をリストアップした。これらの遺伝子について in situ hybridization により発現解析を行い、互いによく似た発現パターンを示すことを明らかにした。また一部の DEG については遺伝子産物に対する抗体が市販されており、抗体による蛍光免疫染色での検出が可能なことを確認した。今後は成体でも再生能力が高いイベリアトゲイモリの四肢再生芽でもこの抗体を利用した免疫染色を行い、ツメガエル-イモリ間での比較を行う。

これとは別にアフリカツメガエルを材料にして四肢再生と皮膚再生を対象にして RNA-seq を行っていたが、2021年度はGO解析 (エンリッチメント解析) を行って四肢再生と皮膚再生の両方で共通して発現量が増加する遺伝子群でみられる特徴を探索した。さらに in situ hybridization を行い、代表的な DEG が実際に皮膚再生と四肢再生で共通して発現することを確認した。また四肢再生のみ、あるいは皮膚再生のみで発現量が増加する遺伝子群についてもGO解析を行うとともに、代表的な DEG が四肢再生または皮膚再生で特異的に発現様式を示すことを明らかにした。今後は四肢再生と皮膚再生の両方で発現量が増加する DEG について更に解析を行い、再生現象で普遍的に関与する遺伝子の特徴を明らかにする。

なお、コロナウイルスの感染防止の観点から2021年度は来訪せずにオンライン会議 (計5回) でデータ解析に関する打ち合わせを行い、研究を進めた。

7. 研究成果発表等の予定

本研究の成果は2022年秋に行われる日本動物学会での発表を予定している。さらに査読のある国際誌への論文発表をできるだけ早くに行えるように、所内対応者と定期的に打ち合わせを行う予定である。

8. 備考

本研究の成果に関連した学会発表を以下のように行った。

- ・2022年12月2日 日本分子生物学会 第44回大会
演題「アフリカツメガエルにおける四肢再生と皮膚再生の共通点と相違点 : RNA-seq に

よる比較解析」 演者 小西歩実, 阿保健太郎, 小林託也, 西出浩世, 杉浦宏樹, 内山郁夫, 重信秀治, 田村宏治, 横山仁

(注1) 記入例に沿って所属先機関名、部局名、職名、氏名を記載してください。

(注2) 研究会の場合は参加者リストを別紙(様式任意)として添付してください。

(注3) 共同利用研究分担者及び研究会参加者各位に、(注4)のとおり所属先機関名、部局名、職名、氏名が公開されることの下承を得てください。情報公開に関する承認が得られなかった場合、承認を得られなかった方の情報は報告書に記載しないようご注意ください。

(注4) 共同利用研究実施報告書は基礎生物学研究所のホームページ(<http://www.nibb.ac.jp/collabo/invite/invite.html>)に公開されます。公開できない内容は省略し、簡潔にご記入ください。

(注5) 1. ~ 4. の情報に誤りがあった場合、担当係にて修正の上、自然科学共同利用・共同研究統括システム(NOUS) (<https://www.nins.jp/site/nous/>)に再アップロードしますのでご了承ください。

基礎生物学研究所長 殿

（報告者）

所属：九州大学理学部

氏名：立田 晴記

下記のとおり実施しましたので報告します。

記

1. 種別（いずれかをチェック☑してください。）

- ☐ 新規モデル生物開発共同利用研究
- ☐ 個別共同利用研究
- ☒ 統合ゲノミクス共同利用研究
- ☐ 統合イメージング共同利用研究
- ☐ 大型スペクトログラフ共同利用実験
- ☐ 生物遺伝資源新規保存技術開発共同利用研究
- ☐ 研究会
- ☐ トレーニングコース実施

2. 研究課題名

異なる染色体レース間に見られる遺伝構造：サッポロフキバツタを用いた解析

3. 課題番号（審査結果通知書及び申請書に記載しています。）

21-308

4. 所内対応者

氏名：重信 秀治

（次ページに続く）

5. 共同利用研究分担者 (注1)(注2)(注3)

(記入例：自然大学大学院工学研究科 准教授 岡崎太郎)

- ・琉球大学・医学部 講師 佐藤行人
- ・琉球大学・農学部 准教授 鶴井香織
- ・琉球大学・農学部 研究補助員 仲原宏美

6. 研究成果の概要及び今後の展望

〔成果〕

前年度に Flexible RADseq 解析から取得した SNP 情報について、STACKS ソフトウェアで出力したデータを再解析し、集団間での遺伝子浸透の度合いを地域間で比較した。また新たに捕獲した標本から DNA 抽出をおこない、RADseq 解析を実施した。

〔考察及び展望〕

データ分析後に RADseq 解析を追加実施し、より広い地域を対象に集団遺伝解析をおこなう予定である。追加分析の際、解析プロトコルの事前打ち合わせを実施する予定である。標本の追加サンプリングも実施する。

7. 研究成果発表等の予定

過去の成果を早めに論文投稿する。今後新規に出版予定のデータを加えた解析を実施する。

8. 備考

(注1) 記入例に沿って所属先機関名、部局名、職名、氏名を記載してください。

(注2) 研究会の場合は参加者リストを別紙(様式任意)として添付してください。

(注3) 共同利用研究分担者及び研究会参加者各位に、(注4)のとおり所属先機関名、部局名、職名、氏名が公開されることのできることを了承してください。情報公開に関する承認が得られなかった場合、承認を得られなかった方の情報は報告書に記載しないようご注意ください。

(注4) 共同利用研究実施報告書は基礎生物学研究所のホームページ (<http://www.nibb.ac.jp/collabo/invite/invite.html>) に公開されます。公開できない内容は省略し、簡潔にご記入ください。

(注5) 1. ～ 4. の情報に誤りがあった場合、担当係にて修正の上、自然科学共同利用・共同研究統括システム(NOUS) (<https://www.nins.jp/site/nous/>) に再アップロードしますのでご了承ください。

基礎生物學研究所共同利用研究実施報告書（令和3年度）

令和4年4月28日

基礎生物學研究所長 殿

（報告者）

所属：玉川大學農學部

氏名：宮崎智史

下記のとおり実施しましたので報告します。

記

1. 種別（いずれかをチェック☑してください。）

- ☐ 新規モデル生物開発共同利用研究
- ☐ 個別共同利用研究
- ☒ 統合ゲノミクス共同利用研究
- ☐ 統合イメージング共同利用研究
- ☐ 大型スペクトログラフ共同利用実験
- ☐ 生物遺伝資源新規保存技術開発共同利用研究
- ☐ 研究会
- ☐ トレーニングコース実施

2. 研究課題名

アリ類の新奇カーストの分化決定を司る遺伝的基盤の解明

3. 課題番号（審査結果通知書及び申請書に記載しています。）

21-309

4. 所内対応者

氏名： 重信秀治

（次ページに続く）

5. 共同利用研究分担者 (注1)(注2)(注3)

(記入例：自然大学大学院工学研究科 准教授 岡崎太郎)

- ・ 基礎生物學研究所 技術職員 山口勝司
- ・ 玉川大学大学院農學研究科 大学院生 栗原雄太
- ・
- ・

6. 研究成果の概要及び今後の展望

アリ類の系統の中では新奇カースト (兵隊や無翅女王など) が数十回にわたり進化し、高度な社会性の進化、ひいては生態学的な成功に寄与したと考えられている。本研究では、新奇カーストである無翅女王とその祖先カーストである有翅女王の両方を有するカードフシアリ *Myrmecina nipponica* を対象に、両者の遺伝的差異を調べるとともに、カースト決定の責任遺伝子座の特定を試みる。

これまでに、北海道および岐阜県、愛媛県などの地域個体群から採集した有翅女王 39 個体と無翅女王 57 個体、合計 96 個体を対象に RAD-seq (両側 100 bp) を実施、続くゲノムワイド関連解析により、翅型に関連する変異が集中する約 5.5 Mb の領域を特定していた。そこで、北海道個体群の有翅女王と無翅女王のゲノムを新たに解読し、その翅型関連領域を比較した結果、無翅女王の系統では染色体逆位が生じていることを明らかにした。また、有翅女王と無翅女王、ワーカーのそれぞれについて蛹 6 個体と新成虫 5-6 個体、合計 35 個体を対象とした RNA-seq (両側 100 bp) を実施し、カースト特異的に発現する遺伝子群を特定した。

今後は、翅型関連領域内の遺伝子の発現パターンに注目して解析するとともに、発現が確認された遺伝子のなかから無翅女王と有翅女王間で異なる選択圧を受けた遺伝子を選抜したい。

7. 研究成果発表等の予定

国内外の学会で成果発表を行う予定である。また、国際誌への投稿準備を開始する。

8. 備考

(注1) 記入例に沿って所属先機関名、部局名、職名、氏名を記載してください。

(注2) 研究会の場合は参加者リストを別紙(様式任意)として添付してください。

(注3) 共同利用研究分担者及び研究会参加者各位に、(注4)のとおり所属先機関名、部局名、職名、氏名が公開されることのできることを了承してください。情報公開に関する承認が得られなかった場合、承認を得られなかった方の情報は報告書に記載しないようご注意ください。

(注4) 共同利用研究実施報告書は基礎生物學研究所のホームページ (<http://www.nibb.ac.jp/collabo/invite/invite.html>) に公開されます。公開できない内容は省略し、簡潔にご記入ください。

(注5) 1. ～ 4. の情報に誤りがあった場合、担当係にて修正の上、自然科学共同利用・共同研究統括システム(NOUS) (<https://www.nins.jp/site/nous/>)に再アップロードしますのでご了承ください。

2022 年 4 月 4 日

基礎生物学研究所長 殿

（報告者）

所属：東京理科大学先進工学部

氏名：宮川信一

下記のとおり実施しましたので報告します。

記

1. 種別（いずれかをチェック☑してください。）

- ☐ 新規モデル生物開発共同利用研究
- ☐ 個別共同利用研究
- ☒ 統合ゲノミクス共同利用研究
- ☐ 統合イメージング共同利用研究
- ☐ 大型スペクトログラフ共同利用実験
- ☐ 生物遺伝資源新規保存技術開発共同利用研究
- ☐ 研究会
- ☐ トレーニングコース実施

2. 研究課題名

爬虫類における温度依存型性決定のメカニズム解析

3. 課題番号（審査結果通知書及び申請書に記載しています。）

21-310

4. 所内対応者

氏名：重信 秀治

（次ページに続く）

5. 共同利用研究分担者 (注1)(注2)(注3)

(記入例：自然大学大学院工学研究科 准教授 岡崎太郎)

- ・東京理科大学 博士研究員 赤司寛志
- ・東京理科大学 博士研究員 宮奥香理

6. 研究成果の概要及び今後の展望

本共同研究は、クサガメ (*Mauremys reevesii*) とアカミミガメ (*Trachemys scripta*) を温度依存型性決定のモデル生物として実施している。これらの動物では、胚発生ステージの約 10 日間 (温度感受期) に生殖腺が形成され、26℃ 孵卵でオス、31℃ 孵卵でメスが誘導される。

本共同研究では温度感受期に着目し、雌雄を誘導する温度条件と複数の胚発生ステージにおける生殖腺での RNA-seq 解析を行っており、これまでの解析で、de novo assembly から DEG 解析、gene ontology や KEGG のエンリッチメント解析、発生時系列依存的に発現量が変動している遺伝子をピックアップした。

さらにわれわれはメタボローム解析によって、ある代謝物の蓄積量が変動していることを見いだしており、LC-MS 分析による測定でも検証している。この代謝物が性決定に与える影響を調べるために、カメ卵への薬剤塗布実験等をおこなった。その結果、期待した性転換はおきなかったが、雌雄のマーカー遺伝子の発現は一部発現変動が確認された。

7. 研究成果発表等の予定

クサガメの発生時系列 RNA-seq データおよびアカミミガメの性分化における代謝産物の影響解析について成果をまとめ、来年度中の論文投稿を目指す。

8. 備考

(注1) 記入例に沿って所属先機関名、部局名、職名、氏名を記載してください。

(注2) 研究会の場合は参加者リストを別紙 (様式任意) として添付してください。

(注3) 共同利用研究分担者及び研究会参加者各位に、(注4) のとおり所属先機関名、部局名、職名、氏名が公開されることのできることを得てください。情報公開に関する承認が得られなかった場合、承認を得られなかった方の情報は報告書に記載しないようご注意ください。

(注4) 共同利用研究実施報告書は基礎生物学研究所のホームページ (<http://www.nibb.ac.jp/collabo/invite/invite.html>) に公開されます。公開できない内容は省略し、簡潔にご記入ください。

(注5) 1. ~ 4. の情報に誤りがあった場合、担当係にて修正の上、自然科学共同利用・共同研究統括システム (NOUS) (<https://www.nins.jp/site/nous/>) に再アップロードしますのでご了承ください。

基礎生物学研究所長 殿

（報告者）

所属：基礎生物学研究所

氏名：新美輝幸

下記のとおり実施しましたので報告します。

記

1. 種別（いずれかをチェック☑してください。）

- ☐ 新規モデル生物開発共同利用研究
- ☐ 個別共同利用研究
- ☒ 統合ゲノミクス共同利用研究
- ☐ 統合イメージング共同利用研究
- ☐ 大型スペクトログラフ共同利用実験
- ☐ 生物遺伝資源新規保存技術開発共同利用研究
- ☐ 研究会
- ☐ トレーニングコース実施

2. 研究課題名

昆虫新奇形質の形成メカニズムの解明

3. 課題番号（審査結果通知書及び申請書に記載しています。）

21-311

4. 所内対応者

氏名：重信秀治

（次ページに続く）

5. 共同利用研究分担者 (注1)(注2)(注3)

- ・基礎生物学的研究所 進化発生研究部門 助教 安藤俊哉
- ・基礎生物学的研究所 進化発生研究部門 助教 中村太郎
- ・基礎生物学的研究所 進化発生研究部門 特任助教 森田慎一
- ・基礎生物学的研究所 進化発生研究部門 大学院生 千頭康彦
- ・名古屋大学 大学院生命農学研究科 助教 児島孝明
- ・国立遺伝学研究所 生態遺伝学研究部門 博士研究員 後藤寛貴
- ・The University of Montana Division of Biological Sciences Professor Douglas J. Emlen

6. 研究成果の概要及び今後の展望

本研究は、極めて多様性に富む角や翅など昆虫が獲得した新奇形質に着目する。さらに、昆虫が獲得した性決定メカニズムや一对の器官で見られる左右非対称性などにも着目する。

研究材料には、既にゲノムを解読し、角や斑紋形成に関与する遺伝子を多数同定したカブトムシ、ナミテントウとその近縁種、祖先的昆虫の代表としてのマダラシミなどを用いた。次世代シーケンサーを用いた網羅的な解析により、上記現象に関与する遺伝子群を同定するための実験を引き続き行なった。

カブトムシについては、これまでの共同利用研究によりゲノム概要配列の解読を完了し、フローサイトメトリーにより推定されたゲノムの 80 % に相当する 615 Mb の *de novo* アセンブリを得た。このゲノムアセンブリの scaffold N50 は 8.02 Mb で、反復エレメントはアセンブリの 49.5 % を占めると予測された。さらに、このアセンブリでは、23,987 個のタンパク質コード遺伝子の存在が予測された。加えて、ミトコンドリアゲノムの *de novo* アセンブリにより、20,217 bp のコンティグが得られた。

7. 研究成果発表等の予定

カブトムシのゲノムに関する論文を bioRxiv に投稿し、ゲノム情報を公開している。現在、カブトムシのゲノム論文は、更なるデータの向上のために追加解析を行っており、解析が終わり次第できる限り速く投稿する。

また、その他のプロジェクトに関しては、論文投稿に必要な結果が全て揃った段階で論文の内容を検討し、よりインパクトの高い雑誌に投稿する予定である。

8. 備考

(注1) 記入例に沿って所属先機関名、部局名、職名、氏名を記載してください。

(注2) 研究会の場合は参加者リストを別紙(様式任意)として添付してください。

(注3) 共同利用研究分担者及び研究会参加者各位に、(注4)のとおり所属先機関名、部局名、職名、氏名が公開されることのできることを了承してください。情報公開に関する承認が得られなかった場合、承認を得られなかった方の情報は報告書に記載しないようご注意ください。

（注４） 共同利用研究実施報告書は基礎生物学研究所のホームページ（<http://www.nibb.ac.jp/collabo/invite/invite.html>）に公開されます。公開できない内容は省略し、簡潔にご記入ください。

（注５） １．～４．の情報に誤りがあった場合、担当係にて修正の上、自然科学共同利用・共同研究統括システム(NOUS)（<https://www.nins.jp/site/nous/>）に再アップロードしますのでご了承ください。

基礎生物學研究所長 殿

（報告者）

所属：新潟大学

氏名：岡本 暁

下記のとおり実施しましたので報告します。

記

1. 種別（いずれかをチェック☑してください。）

- ☐ 新規モデル生物開発共同利用研究
- ☐ 個別共同利用研究
- ☒ 統合ゲノミクス共同利用研究
- ☐ 統合イメージング共同利用研究
- ☐ 大型スペクトログラフ共同利用実験
- ☐ 生物遺伝資源新規保存技術開発共同利用研究
- ☐ 研究会
- ☐ トレーニングコース実施

2. 研究課題名

道管液のペプチドミクス・プロテオミクスを用いた地下部-地上部間の相互作用の探索

3. 課題番号（審査結果通知書及び申請書に記載しています。）

21-312

4. 所内対応者

氏名：重信 秀治 教授

（次ページに続く）

5. 共同利用研究分担者 (注1)(注2)(注3)

無し

6. 研究成果の概要及び今後の展望

(1) トマト道管滲出液の解析

トマト道管滲出液のプロテオーム解析を、共同利用研究を通じて行った。その結果、低分子タンパクを含む画分からは 50 個のタンパク、ペプチドを含む画分からは 729 個のタンパク（ペプチドを含む）を同定した ($\text{FDR} \leq 0.01$)。それぞれの画分から同定されたタンパクのうち、分泌シグナルが予測されるものはそれぞれ 66%, 39.4%を占めていた。トマトのデータベース(ITAG4.0)中のタンパクのうち分泌シグナルが予測されるものは 16.3%であることから、採取した道管滲出液には分泌型タンパク（ペプチド）が多く含まれることがわかった。さらにトマト道管滲出液から 7 個の分泌型ペプチドを同定した。興味深いことに、そのうちの 5 個のペプチドは共同利用研究者が以前に発表したダイズ道管滲出液から同定した分泌型ペプチドのホモログであった。トマトはキク目、ダイズはマメ目に属することから道管滲出液から同定されたペプチドは少なくとも双子葉植物種間で広く保存されていることが示唆された。また、CLE、CEP といった器官間の長距離シグナル伝達に関わるペプチドに加えて、根におけるキャスパリー線の形成と維持に関わる CIF ペプチドも同定された。このことから道管滲出液に含まれるペプチドは器官間の長距離シグナル伝達のみならず通洞組織の維持にも関わる役割を果たすことが示唆された。

(2) 長距離移行性ペプチドの機能解析

これまでにダイズ道管滲出液から同定したペプチドのうちの一つである XAP4 について、その機能を解明するべくシロイヌナズナにおけるホモログである CLE1—CLE7 に着目した解析を行った。共同利用研究を通じて、シロイヌナズナ道管滲出液の解析を行ったところ、糖鎖修飾された活性型 CLE2 ペプチドを検出することに成功した。さらに CLE2 遺伝子は主に根で発現しており暗処理や光合成阻害剤の添加など光合成産物の欠乏する条件に応答すること、CLE2 過剰発現体や *cle1-7* 変異体を用いた解析からこれらの CLE は根のスクロース含量を正に制御することを見出した。さらに *cle1-7* 変異体では葉における SCU2 スクロース輸送体遺伝子の発現量が現象することがわかった。また、接木実験では根の CLE1—CLE7 の遺伝型が葉の SUC2 の発現量に影響を及ぼすこともわかった。これらの結果から、CLE ペプチドは根から葉に対して光合成産物を要求する長距離シグナルとして機能する可能性が考えられた。

7. 研究成果発表等の予定

- Okamoto S*, Kawasaki A, Makino Y (2022) Characterization of Oligopeptides in *Solanum lycopersicum* Xylem Exudates. *Life* 12: 592.
- Okamoto S*, Kawasaki A, Makino Y, Ishida T, Sawa S (2022) Long-distance translocation of CLAVATA3/ESR-related 2 peptide and its positive effect on roots sucrose status. *Plant Physiology* in press.

8. 備考

(注1) 記入例に沿って所属先機関名、部局名、職名、氏名を記載してください。

(注2) 研究会の場合は参加者リストを別紙(様式任意)として添付してください。

(注3) 共同利用研究分担者及び研究会参加者各位に、(注4)のとおり所属先機関名、部局名、職名、氏名が公開されることの下承を得てください。情報公開に関する承認が得られなかった場合、承認を得られなかった方の情報は報告書に記載しないようご注意ください。

(注4) 共同利用研究実施報告書は基礎生物学研究所のホームページ(<http://www.nibb.ac.jp/collabo/invite/invite.html>)に公開されます。公開できない内容は省略し、簡潔にご記入ください。

(注5) 1.～4.の情報に誤りがあった場合、担当係にて修正の上、自然科学共同利用・共同研究統括システム(NOUS) (<https://www.nins.jp/site/nous/>)に再アップロードしますのでご了承ください。

2022 年 5 月 4 日

基礎生物學研究所長 殿

（報告者）

所属：東洋大學生命科學部応用生物科學科

氏名：梅原 三貴久

下記のとおり実施しましたので報告します。

記

1. 種別（いずれかをチェック☑してください。）

- ☐ 新規モデル生物開発共同利用研究
- ☐ 個別共同利用研究
- ☒ 統合ゲノミクス共同利用研究
- ☐ 統合イメージング共同利用研究
- ☐ 大型スペクトログラフ共同利用実験
- ☐ 生物遺伝資源新規保存技術開発共同利用研究
- ☐ 研究会
- ☐ トレーニングコース実施

2. 研究課題名

薬用植物トコンの不定芽形成過程に発現する遺伝子の RNA-seq を用いた網羅的解析

3. 課題番号（審査結果通知書及び申請書に記載しています。）

21-313

4. 所内対応者

氏名：重信 秀治

（次ページに続く）

5. 共同利用研究分担者 (注1)(注2)(注3)

(記入例：自然大学大学院工学研究科 准教授 岡崎太郎)

- ・ 東洋大学生命科学研究科博士後期課程1年 岡崎夏鈴
- ・
- ・
- ・

6. 研究成果の概要及び今後の展望

トコンの節間切片の内生オーキシンとサイトカイニンは培養1週間目にどちらも最も多く増加し、その後ゆるやかに減少する。トコンの不定芽は培養2週目以降、節間切片の茎頂側に偏って形成される。おそらく培養1週目に増加した内生のホルモンによって、不定芽形成に必要な遺伝子の発現が誘導されると考えられる。そこで、培養0週目と1週目の節間切片を茎頂側と基部側に切り分け、それぞれのRNAを抽出し、イルミナ社のHiSeq1500を用いてRNA-seq解析を行った。eXpressとedgeRを用いて遺伝子発現の差異解析、BLAST2GOを用いたアノテーションを行い、GOエンリッチメント解析を行った。その結果、トコンでは植物ホルモンを添加せずとも、節間切片を切断することで植物ホルモンの生合成や代謝に関する遺伝子が発現変動し、それに合わせて器官形成に関わる遺伝子群の発現が増加することを明らかにした。ここまでのデータをまとめて日本植物細胞分子生物学会第38回大会で発表した。その後、発現変動が大きかった植物ホルモンあるいは器官形成に関わる遺伝子については、定量的リアルタイムPCRで個別に発現解析を行った。年度末に重信先生たちとメールで情報交換をしながら実験結果を論文にまとめ、現在BMC Plant Biologyに投稿中である。

また、LC-MS/MSを用いたオーキシンやサイトカイニンの定量分析の結果、培養開始12時間目に増加することがわかったため、培養開始12時間目より前の遺伝子発現を調べる必要が生じた。培養初期の時間経過に伴う遺伝子発現変動をより詳細に調べるために、10月上旬にZoomで研究打ち合わせを行い、RNA-seqの実験計画を立案し、培養0、1、3、6、12時間目の節間切片を茎頂側と基部側に切り分け、それぞれのRNAを抽出した。10月中旬に基礎生物学研究所に来所してライブラリーを調製し、イルミナ社のNextSeq550を用いて、シーケンス長150 bp、paired endでRNA-seqを行った。現在、Rを使ってサイトカイニン生合成遺伝子と類似した発現変動を示す転写因子群を探索している。今後、酵母ワンハイブリッド法でサイトカイニン生合成遺伝子のプロモーター領域に直接結合する転写因子を調査する。

7. 研究成果発表等の予定

- 1) 岡崎夏鈴、小池衣茉莉、山口勝司、重信秀治、下村講一郎、梅原三貴久、トコンの不定芽形成開始前に発現する遺伝子のトランスクリプトーム解析。日本植物細胞分子生物学会 第38回大会 (つくば 2021.9.9-11)
- 2) Karin Okazaki, Imari Koike, Sayuri Kera, Katushi Yamaguchi, Shuji Shigenobu, Koichiro Shimomura, Mikiyoshi Umehara (2022) Gene expression profiling before and after internode culture for adventitious shoot formation in ipecac. **BMC Plant Biol.** (投稿中)

8. 備考

(注1) 記入例に沿って所属先機関名、部局名、職名、氏名を記載してください。

(注2) 研究会の場合は参加者リストを別紙(様式任意)として添付してください。

(注3) 共同利用研究分担者及び研究会参加者各位に、(注4)のとおり所属先機関名、部局名、職名、氏名が公開されることの下承を得てください。情報公開に関する承認が得られなかった場合、承認を得られなかった方の情報は報告書に記載しないようご注意ください。

(注4) 共同利用研究実施報告書は基礎生物学研究所のホームページ(<http://www.nibb.ac.jp/collabo/invite/invite.html>)に公開されます。公開できない内容は省略し、簡潔にご記入ください。

(注5) 1.～4.の情報に誤りがあった場合、担当係にて修正の上、自然科学共同利用・共同研究統括システム(NOUS) (<https://www.nins.jp/site/nous/>)に再アップロードしますのでご了承ください。

2022 年 5 月 30 日

基礎生物学研究所長 殿

（報告者）

所属：関西学院大学 理工学部

氏名：北條 賢

下記のとおり実施しましたので報告します。

記

1. 種別（いずれかをチェック☑してください。）

- ☐ 新規モデル生物開発共同利用研究
- ☐ 個別共同利用研究
- ☒ 統合ゲノミクス共同利用研究
- ☐ 統合イメージング共同利用研究
- ☐ 大型スペクトログラフ共同利用実験
- ☐ 生物遺伝資源新規保存技術開発共同利用研究
- ☐ 研究会
- ☐ トレーニングコース実施

2. 研究課題名

オミクス解析によるアリをめぐる生物間相互作用の分子基盤研究

3. 課題番号（審査結果通知書及び申請書に記載しています。）

21-314

4. 所内対応者

氏名： 重信 秀治

（次ページに続く）

5. 共同利用研究分担者 (注1)(注2)(注3)

(記入例：自然大学大学院工学研究科 准教授 岡崎太郎)

- ・東京大学 大学院 総合文化研究科 准教授 土畑重人
- ・関西学院大学 理工学部 学術研究員 矢口甫

6. 研究成果の概要及び今後の展望

生物間相互作用がいかにして進化し維持されてきたのか、その分子基盤を明らかにすることを目的に、シジミチョウとアリの相利共生系及びアリの種内寄生を題材に研究を進めた。

シジミチョウとアリの相利共生について、本年度はアリのドラフトゲノムのアッセンブリとアノテーション、qPCR による遺伝子発現解析、脳組織の抗体染色を行い、シジミチョウとの共生によって発現が変動する遺伝子の探索とその局在を調べた。来年度は一部の遺伝子群について、マニュアルによるアノテーションを進めて精度を向上させるとともに、これまでに得られた RNAseq データをゲノム上にマッピングする作業を行い、共生関係の成立に伴う遺伝子の発現動態及び GO 解析を進め、得られた成果を下に原著論文を執筆する予定である。

アリの種内寄生について、本年度は先に述べた通常系統のゲノムに加えて、遺伝的に分化している寄生系統のドラフトゲノムのシーケンス、アッセンブリ、通常系統との比較ゲノム解析を行い、寄生形質の進化に伴って変異が蓄積されている領域を探索した。来年度は引き続き比較ゲノム解析を進めるとともに、通常系統・寄生系統の比較トランスクリプトームを行い、機能遺伝子の探索を進める予定である。

7. 研究成果発表等の予定

特になし。

8. 備考

特になし。

(注1) 記入例に沿って所属先機関名、部局名、職名、氏名を記載してください。

(注2) 研究会の場合は参加者リストを別紙(様式任意)として添付してください。

(注3) 共同利用研究分担者及び研究会参加者各位に、(注4)のとおり所属先機関名、部局名、職名、氏名が公開されることのできることを了承してください。情報公開に関する承認が得られなかった場合、承認を得られなかった方の情報は報告書に記載しないようご注意ください。

(注4) 共同利用研究実施報告書は基礎生物学研究所のホームページ(<http://www.nibb.ac.jp/collabo/invite/invite.html>)に公開されます。公開できない内容は省略し、簡潔にご記入ください。

(注5) 1. ~ 4. の情報に誤りがあった場合、担当係にて修正の上、自然科学共同利用・共同研究統括システム(NOUS) (<https://www.nins.jp/site/nous/>)に再アップロードしますのでご了承ください。

基礎生物学研究所共同利用研究実施報告書（2021 年度）

2022 年 5 月 18 日

基礎生物学研究所長 殿

（報告者）

所属： 東京大学

氏名： 丸山 潤一

下記のとおり実施しましたので報告します。

記

1. 種別（いずれかをチェック☑してください。）

- ☐ 新規モデル生物開発共同利用研究
- ☐ 個別共同利用研究
- ☒ 統合ゲノミクス共同利用研究
- ☐ 統合イメージング共同利用研究
- ☐ 大型スペクトログラフ共同利用実験
- ☐ 生物遺伝資源新規保存技術開発共同利用研究
- ☐ 研究会
- ☐ トレーニングコース実施

2. 研究課題名

麹菌 *Aspergillus oryzae* の比較ゲノムによる多様性創出機構の解明

3. 課題番号（審査結果通知書及び申請書に記載しています。）

21-315

4. 所内対応者

氏名： 重信 秀治

（次ページに続く）

5. 共同利用研究分担者 (注1)(注2)(注3)

(記入例：自然大学大学院工学研究科 准教授 岡崎太郎)

- ・
- ・
- ・
- ・

6. 研究成果の概要及び今後の展望

麹菌 *Aspergillus oryzae* は、日本の伝統的醸造食品である日本酒・醤油・味噌などの製造において千年以上にわたって利用されている、産業的に有用な微生物である。*A. oryzae* は植物病原菌である *Aspergillus flavus* から家畜化されて進化したと考えられ、醸造利用の歴史の過程で、日本酒・醤油・味噌それぞれの醸造食品に適した多様な性質をもつ様々な株が選抜されてきた。本共同利用研究では、*A. oryzae* 種内の様々な株のゲノム解読および比較ゲノム解析を行い、*A. oryzae* の多様性の創出機構のゲノムレベルでの解明を目的とする。

2021 年度までの本共同利用研究で、*A. oryzae* のゲノムリファレンス株 RIB40 と、これと接合型が異なる株として初めて発見された AO6 株(Wada *et al.* 2012)から得たシーケンス情報にもとづき、ゲノム構造の比較解析を行った。そのなかから、約 120 kb の染色体領域が *A. oryzae* の多くの株に特徴的に存在し、祖先とされる *Aspergillus flavus* の大部分の株に存在しないことが示唆された。以上の結果から、見いだした特徴的領域が、日本の醸造微生物のゲノム進化に関係する可能性を考えた。特徴的領域の機能を調べるため、*A. oryzae* の実用株においてゲノム編集技術により大規模欠損、ならびに表現型の解析を行った。

2022 年度も本共同利用研究を継続し、*A. oryzae* の多くの実用株を対象としてゲノム構造の比較解析とともに、見いだした特徴的領域について醸造における機能解析を行う。

7. 研究成果発表等の予定

2021 年度に学会発表を行ったが、2022 年度には本共同利用研究で継続して、さらなる学会発表や論文発表を行うように進めていく。

8. 備考

(注1) 記入例に沿って所属先機関名、部局名、職名、氏名を記載してください。

(注2) 研究会の場合は参加者リストを別紙(様式任意)として添付してください。

(注3) 共同利用研究分担者及び研究会参加者各位に、(注4)のとおり所属先機関名、部局名、職名、氏名が公開されることのできることを了承してください。情報公開に関する承認が得られなかった場合、承認を得られなかった方の情報は報告書に記載しないようご注意ください。

(注4) 共同利用研究実施報告書は基礎生物学研究所のホームページ(<http://www.nibb.ac.jp/collabo/invite/invite.html>)に公開されます。公開できない内容は省略し、

簡潔にご記入ください。

(注5) 1. ～ 4. の情報に誤りがあった場合、担当係にて修正の上、自然科学共同利用・共同研究統括システム(NOUS) (<https://www.nins.jp/site/nous/>) に再アップロードしますのでご了承ください。

基礎生物学研究所共同利用研究実施報告書（2021 年度）

2022 年 6 月 30 日

基礎生物学研究所長 殿

（報告者）

所属： 東京大学定量生命科学研究所

氏名： 堀越 正美

下記のとおり実施しましたので報告します。

記

1. 種別（いずれかをチェック☑してください。）

- ☐ 新規モデル生物開発共同利用研究
- ☐ 個別共同利用研究
- ☒ 統合ゲノミクス共同利用研究
- ☐ 統合イメージング共同利用研究
- ☐ 大型スペクトログラフ共同利用実験
- ☐ 生物遺伝資源新規保存技術開発共同利用研究
- ☐ 研究会
- ☐ トレーニングコース実施

2. 研究課題名

新しい進化指標を用いての数十億年前の生体システムの仕組みの解析

3. 課題番号

21-316

4. 所内対応者

氏名： 内山 郁夫

（次ページに続く）

5. 共同利用研究分担者 (注1)(注2)(注3)

- ・ 東京大学 定量生命科学研究所 准教授 堀越 正美

6. 研究成果の概要及び今後の展望

今年度も引き続き、これまでに開発した新しい進化指標をより広範な遺伝子に適用することを目指して開発を進め、新しく得た遺伝子の解析を試みた。

一昨年度に、真核生物と古細菌に保存され、**direct repeat** を持つ遺伝子を微生物比較ゲノムデータベース **MBGD** 及び相同ドメインデータベース **Pfam** を用いて探索し、**10** 種類の遺伝子を見つけた。それらには、先行研究で解析した **TBP** と **TFIIB** 及び別の方法で見出した解析可能な他の生体反応因子 **4** 種類のうち **3** 種類が含まれていた。解析を高等生物に拡張して抽出した遺伝子のアライメントを元にプロファイルを作成し、**8** 種類の遺伝子についての検出力の高いプロファイルを作成した。この結果に基づいて、高等生物を含めた最新の真核生物の **900** 種のゲノム情報に対して検索を行い、抽出された新しい配列を加えてアライメントを作成し、系統解析を実施した。その上で、系統解析結果を基にオーソログな遺伝子セットを抽出し、各遺伝子の系統樹内における **diversity** と、遺伝子内の **direct repeat** 間の **diversity** とを計算し、転写開始因子を対象として行われた先行研究の結果と比較した。そうしたところ、今までと同じように各々の遺伝子の進化の様相がいくつかのタイプに分かれることを発見した。しかしながら、先行研究で示された **TBP** と同じような進化を遂げた因子はなかった。これだけ多くの遺伝子を調べてみても **TBP** のような特徴を持った遺伝子がないこと、その上、**TBP** が遺伝子制御機構の方向性を決めていることを考えると、進化機構において **TBP** の遺伝子制御機構に果たした役割は非常に大きいと考えられる。これを踏まえて、各々の因子が関与するシステム及びその仕組みの進化的変遷の特徴づけを行う予定であり、その結果によって生体システムの進化が **TBP** の進化と違って各々どのように行われたかを明らかにできるのではないかと考えている。

7. 研究成果発表等の予定

論文発表の方向性について幅広く議論し、これまでに得られた成果に基づいて、今後も論文発表を行うよう準備を進める予定である。

8. 備考

(注1) 記入例に沿って所属先機関名、部局名、職名、氏名を記載してください。

(注2) 研究会の場合は参加者リストを別紙(様式任意)として添付してください。

(注3) 共同利用研究分担者及び研究会参加者各位に、(注4)のとおり所属先機関名、部局名、職名、

氏名が公開されることの下承を得てください。情報公開に関する承認が得られなかった場合、承認を得られなかった方の情報は報告書に記載しないようご注意ください。

(注4) 共同利用研究実施報告書は基礎生物学研究所のホームページ
(<http://www.nibb.ac.jp/collabo/invite/invite.html>)に公開されます。公開できない内容は省略し、簡潔にご記入ください。

(注5) 1. ～ 4. の情報に誤りがあった場合、担当係にて修正の上、自然科学共同利用・共同研究統括システム(NOUS) (<https://www.nins.jp/site/nous/>)に再アップロードしますのでご了承ください。

2022 年 5 月 2 日

基礎生物学研究所長 殿

（報告者）

所属：上智大学理工学部・准教授

氏名：川口 眞理

下記のとおり実施しましたので報告します。

記

1. 種別（いずれかをチェック☑してください。）

- ☐ 新規モデル生物開発共同利用研究
- ☐ 個別共同利用研究
- ☒ 統合ゲノミクス共同利用研究
- ☐ 統合イメージング共同利用研究
- ☐ 大型スペクトログラフ共同利用実験
- ☐ 生物遺伝資源新規保存技術開発共同利用研究
- ☐ 研究会
- ☐ トレーニングコース実施

2. 研究課題名

タツノオトシゴの育児嚢の形成に関わる分化因子の探査

3. 課題番号（審査結果通知書及び申請書に記載しています。）

21-317

4. 所内対応者

氏名：重信秀治 教授

（次ページに続く）

5. 共同利用研究分担者 (注1)(注2)(注3)

(記入例：自然大学大学院工学研究科 准教授 岡崎太郎)

- ・
- ・
- ・
- ・

6. 研究成果の概要及び今後の展望

タツノオトシゴは他の魚にはない特殊な「子育て」器官である育児嚢をもつ。育児嚢は袋状の構造をしており、オスの腹側尾部にある。オスの育児嚢内にメスが卵を産み、メスから卵を受け取る過程でオスが精子を放出して受精させる。受精した卵はオスの育児嚢内で発生が進み、孵化した稚魚をオスが出産する。飼育温度などにもよるが、出生後1ヵ月程するとオスの腹側尾部の真皮が盛り上がるようにして育児嚢の原基の形成が始まり、徐々に正中線に向かって隆起して融合し、その後袋状の育児嚢ができることをすでに明らかにしている。本研究では、育児嚢の形成に関わる遺伝子を同定することにより、分子レベルでその形成メカニズムを明らかにすることを目的としている。

2021年度までに、RNA-seq解析により、育児嚢の原基が形成される時期に発現量が増大する遺伝子の解析を進めている。また、タツノオトシゴのゲノム配列を決定し、Chromiumのゲノムアセンブリに成功した。今後は、これらの遺伝子の発現量をリアルタイムPCRやin situハイブリダイゼーション法で調べることにより、育児嚢の形成開始に関わる遺伝子の同定を進める予定である。

7. 研究成果発表等の予定

8. 備考

(注1) 記入例に沿って所属先機関名、部局名、職名、氏名を記載してください。

(注2) 研究会の場合は参加者リストを別紙(様式任意)として添付してください。

(注3) 共同利用研究分担者及び研究会参加者各位に、(注4)のとおり所属先機関名、部局名、職名、氏名が公開されることのできることを了承してください。情報公開に関する承認が得られなかった場合、承認を得られなかった方の情報は報告書に記載しないようご注意ください。

(注4) 共同利用研究実施報告書は基礎生物学研究所のホームページ(<http://www.nibb.ac.jp/collabo/invite/invite.html>)に公開されます。公開できない内容は省略し、簡潔にご記入ください。

(注5) 1.～4.の情報に誤りがあった場合、担当係にて修正の上、自然科学共同利用・共同研究統括システム(NOUS) (<https://www.nins.jp/site/nous/>)に再アップロードしますのでご了承ください。

2022 年 4 月 26 日

基礎生物學研究所長 殿

（報告者）

所属：国立遺伝学研究所

氏名：酒井 則良

下記のとおり実施しましたので報告します。

記

1. 種別（いずれかをチェック☑してください。）

- ☐ 新規モデル生物開発共同利用研究
- ☐ 個別共同利用研究
- ☒ 統合ゲノミクス共同利用研究
- ☐ 統合イメージング共同利用研究
- ☐ 大型スペクトログラフ共同利用実験
- ☐ 生物遺伝資源新規保存技術開発共同利用研究
- ☐ 研究会
- ☐ トレーニングコース実施

2. 研究課題名

ゼブラフィッシュ精原細胞で発現する rRNA の解析

3. 課題番号（審査結果通知書及び申請書に記載しています。）

21-318

4. 所内対応者

氏名：重信秀治

（次ページに続く）

5. 共同利用研究分担者 (注1)(注2)(注3)

・国立遺伝学研究所 助教 河崎敏広

6. 研究成果の概要及び今後の展望

生殖幹細胞の分化に異常を示すゼブラフィッシュ *moto* 変異体の解析から、その原因遺伝子がコードする Meioc タンパク質は Piwi1 を介して、rRNA の発現を調節していることが示唆されている。しかし、既存のゼブラフィッシュリファレンスゲノム (Zebrafish GRCz11) には rRNA をコードする rDNA (45S pre-rDNA; 18S, 5.8S, 28S rRNA 遺伝子からなる) は数コピーしかアノテーションされておらず、通常 200-300 コピー存在するとされる 45S pre-rDNA がどのように発現調節を受けるのか、詳細な解析は困難である。そこで本研究では、生殖細胞、とくに精原細胞における rRNA の発現制御機構を明らかにすることを目的に、ゼブラフィッシュの rRNA を網羅的にシーケンスし、200-300 コピーの多型を区別できる rRNA のデータベースの構築を目標とした。

これまでの共同研究で、ゼブラフィッシュ近交系 (IM 系統) のゲノムリシーケンスデータをもとに 18S rRNA 遺伝子と 28S rRNA 遺伝子の中に保存性の高い共通配列が見つかり、その領域のプライマーによる近交系ゲノム DNA の PCR から、予想される rDNA 断片の増幅を確認できている。さらに、この増幅産物を用いてライブラリーを調整して、PacBio Sequel でシーケンスしたところ、多くのリードで Read quality 値が Q60 を示し、また、Read length では想定される 5,000 bp のものが数多く得られた。このリードを 45S-rDNA にマッピングしたところ、ゼブラフィッシュで報告されているメジャーな 2 つ 45S-S rDNA と 45S-U rDNA にはマッピングされたが、卵母細胞特異的な発現で注目されている 45S-M rDNA にマッピングされなかった。2021 年度中に、この原因が実験的なエラーによるものかリファレンスの間違いによるものかを検証する計画であったが、コロナ感染防止の対応のため、十分な共同研究を進めることができなかった。一方で、*moto* 変異体の解析から、45S-S rDNA の 28S rDNA と 18S rDNA の intergenic spacer 領域が未分化精原細胞でメチル化制御を受けることが明らかとなった。すなわち、45S-S rDNA は精原細胞で転写制御を受けるものと考えられる。この共同研究で、メジャーな 45S-rDNA (45S-S、45S-U) を含んだライブラリーを構築できつつあるため、45S-M rDNA を解決することで、目的の生殖細胞で発現する rRNA のレパートリーを構築できるものと考えられる。複数の pre-rRNA バリエーションを区別できるバイオインフォマティクスツールの開発を進め、多数存在すると考えられるゼブラフィッシュ rDNA の同定・分類、そして、各発達段階の生殖細胞の RNA シーケンスを行うことで、生殖細胞で制御を受ける各 rDNA のゲノム基盤を理解できるものと期待される。

7. 研究成果発表等の予定

まだ、成果発表できる結果は得られていない。得られ次第、学会発表するとともに、論文発表を進める。

8. 備考

基礎生物学研究所共同利用研究実施報告書（2021年度）

2022年 5月 23日

基礎生物学研究所長 殿

（報告者）

所属：基礎生物学研究所

初期発生研究部門

氏名：藤森俊彦

下記のとおり実施しましたので報告します。

記

1. 種別（いずれかをチェック☑してください。）

- ☐ 新規モデル生物開発共同利用研究
- ☐ 個別共同利用研究
- ☒ 統合ゲノミクス共同利用研究
- ☐ 統合イメージング共同利用研究
- ☐ 大型スペクトログラフ共同利用実験
- ☐ 生物遺伝資源新規保存技術開発共同利用研究
- ☐ 研究会
- ☐ トレーニングコース実施

2. 研究課題名

上皮恒常性維持過程における平面内細胞極性の維持機構の解明

3. 課題番号（審査結果通知書及び申請書に記載しています。）

21-319

4. 所内対応者

氏名：重信 秀治

（次ページに続く）

5. 共同利用研究分担者 (注1)(注2)(注3)

- ・自然科学研究機構基礎生物学研究所初期発生研究部門 特任助教 新田昌輝
- ・自然科学研究機構基礎生物学研究所初期発生研究部門 研究員 井上雄貴

6. 研究成果の概要及び今後の展望

平面内細胞極性 (Planar cell polarity; PCP) は上皮細胞が発達させる器官の向きに沿った細胞極性であり、上皮組織の機能を支えている。上皮組織ではダメージを蓄積した細胞が排除され、幹細胞から新たに細胞が供給されることにより組織の恒常性が維持される。このとき、細胞を入れ替えるだけでなく、PCP を維持することが上皮組織の機能を保つために重要である。では上皮組織の恒常性維持過程において、新たに供給された細胞 (新生細胞) はどのようにして、器官の向きに沿った極性を獲得するのだろうか。本研究では個体の一生を通じて細胞の入れ替わりが起こるマウスの卵管を実験系とし、PCP の恒常性を維持する分子基盤の解明を目指す。

新生細胞は多繊毛細胞へ分化する過程で PCP を獲得する。この過程で PCP の獲得に必要な分子を同定するため、これまでに single-cell RNA sequencing (scRNA-seq) を行い、卵管上皮細胞を構成する細胞種やそれぞれの細胞種での遺伝子発現の情報を得た。この解析から新生細胞の分化過程で発現量が変化する遺伝子を検出できたものの、検出された遺伝子の総数が少なく、その後のスクリーニングには不十分だと考えた。そこでより多くの遺伝子を検出するために、卵管を損傷させ人為的に新生細胞を増やした条件で RNA-sequencing を行うこととした。これまでに卵管を大きく損傷させることにより、PCP の再生が進行することを見出した。PCP 再生にクリティカルな時期を特定できれば、RNA-sequencing による遺伝子発現解析を行い、培養細胞でのスクリーニングや生体内での機能の解析を通して、新生細胞の PCP の獲得に必要な遺伝子の同定を目指す。

7. 研究成果発表等の予定

今後も引き続き共同研究を進め、得られた成果は論文として発表する。

8. 備考

(注1) 記入例に沿って所属先機関名、部局名、職名、氏名を記載してください。

(注2) 研究会の場合は参加者リストを別紙 (様式任意) として添付してください。

(注3) 共同利用研究分担者及び研究会参加者各位に、(注4) のとおり所属先機関名、部局名、職名、氏名が公開されることの下承を得てください。情報公開に関する承認が得られなかった場合、承認を得られなかった方の情報は報告書に記載しないようご注意ください。

(注4) 共同利用研究実施報告書は基礎生物学研究所のホームページ (<http://www.nibb.ac.jp/collabo/invite/invite.html>) に公開されます。公開できない内容は省略し、簡潔にご記入ください。

(注5) 1. ~ 4. の情報に誤りがあった場合、担当係にて修正の上、自然科学共同利用・共同研究統括システム (NOUS) (<https://www.nins.jp/site/nous/>) に再アップロードしますのでご了承ください。

基礎生物学研究所長 殿

（報告者）

所属：新潟大学

佐渡自然共生科学センター臨海実験所

氏名：豊田 賢治

下記のとおり実施しましたので報告します。

記

1. 種別（いずれかをチェック☑してください。）

- ☐ 新規モデル生物開発共同利用研究
- ☐ 個別共同利用研究
- ☒ 統合ゲノミクス共同利用研究
- ☐ 統合イメージング共同利用研究
- ☐ 大型スペクトログラフ共同利用実験
- ☐ 生物遺伝資源新規保存技術開発共同利用研究
- ☐ 研究会
- ☐ トレーニングコース実施

2. 研究課題名

有用海産甲殻類の成長と生殖を制御する内分泌動態の解明

3. 課題番号（審査結果通知書及び申請書に記載しています。）

21-320

4. 所内対応者

氏名：重信 秀治

（次ページに続く）

5. 共同利用研究分担者 (注1)(注2)(注3)

(記入例：自然大学大学院工学研究科 准教授 岡崎太郎)

- ・なし
- ・
- ・
- ・

6. 研究成果の概要及び今後の展望

深海性のズワイガニ (*Chionoecetes opilio*) は甲殻類の中でも珍しく生涯の脱皮回数が決まっている。雌雄でその脱皮数は異なり、また性成熟にかかる脱皮回数も異なっている。申請者と研究協力者は漁業関係者から最終脱皮直前と最終脱皮後のズワイガニを入手する体制を構築し、最終脱皮前後で脱皮ホルモンの変動がどのように変動しているのか調べることが可能になった。また興味深いことにズワイガニのオスは最終脱皮で鋏脚が大型化することから、最終脱皮には大きな形態変化を引き起こす生理環境の変化もあると考えられ、その鍵因子として幼若ホルモン (methyl farnesoate: MF) の関与を想定して研究を行なった。その結果、最終脱皮後のオスで血液中の MF 濃度が顕著に増加することを明らかにした。また、最終脱皮後にメスをめぐるオス間闘争の勝率が上昇することから行動の変化が生じることは明白だが、その背景にある分子機構は不明であった。そこでカニ類の主要な神経節である眼柄神経節の遺伝子発現プロファイルを最終脱皮前後で比較したところ、生体アミン類 (ドーパミン、オクトパミンなど) のシグナル伝達経路に関する遺伝子群が最終脱皮後に有意に発現上昇していることを見出した。現在はこれらの成果を国際誌に投稿準備中である。

ズワイガニは成長が進むと1年あるいは2年に一度しか脱皮をしなくなる。そこで、最終脱皮前のオス個体に注目し、次回の脱皮が最終脱皮なのかどうかを予測する技術を開発するため、月に一度の採血により MF に加え脱皮ホルモン (20-hydroxyecdysone: 20E) の定量分析を実施する。これにより1年近く同一個体の体液中のホルモン量をモニタリングすることでこの両ホルモンの協調的な制御が最終脱皮に必要なのかどうかを明らかにできると期待できる。

7. 研究成果発表等の予定

ズワイガニの最終脱皮前後のオスの体液中の MF 濃度の比較と、眼柄神経節 RNAseq のデータを国際誌に投稿予定。

8. 備考

(注1) 記入例に沿って所属先機関名、部局名、職名、氏名を記載してください。

（注２） 研究会の場合は参加者リストを別紙（様式任意）として添付してください。

（注３） 共同利用研究分担者及び研究会参加者各位に、（注４）のとおり所属先機関名、部局名、職名、氏名が公開されることので了承を得てください。情報公開に関する承認が得られなかった場合、承認を得られなかった方の情報は報告書に記載しないようご注意ください。

（注４） 共同利用研究実施報告書は基礎生物学研究所のホームページ（<http://www.nibb.ac.jp/collabo/invite/invite.html>）に公開されます。公開できない内容は省略し、簡潔にご記入ください。

（注５） １．～４．の情報に誤りがあつた場合、担当係にて修正の上、自然科学共同利用・共同研究統括システム(NOUS)（<https://www.nins.jp/site/nous/>）に再アップロードしますのでご了承ください。

2022 年 4 月 12 日

基礎生物學研究所長 殿

（報告者）

所属：筑波大學生命環境系

氏名：守野 孔明

下記のとおり実施しましたので報告します。

記

1. 種別（いずれかをチェック☑してください。）

- ☐ 新規モデル生物開発共同利用研究
- ☐ 個別共同利用研究
- ☒ 統合ゲノミクス共同利用研究
- ☐ 統合イメージング共同利用研究
- ☐ 大型スペクトログラフ共同利用実験
- ☐ 生物遺伝資源新規保存技術開発共同利用研究
- ☐ 研究会
- ☐ トレーニングコース実施

2. 研究課題名

軟体動物クサイロアオガイのゲノム解読と系統特異的転写因子の役割の解明

3. 課題番号（審査結果通知書及び申請書に記載しています。）

21-321

4. 所内対応者

氏名：重信秀治

（次ページに続く）

5. 共同利用研究分担者 (注1)(注2)(注3)

(記入例：自然大学大学院工学研究科 准教授 岡崎太郎)

・

6. 研究成果の概要及び今後の展望

軟体動物クサイロアオガイのゲノムシーケンスを行い、ドラフトゲノムの構築を試みた。前年度までに、主に GridON を用いたゲノムシーケンスを行い、ドラフトゲノムを構築し、N50 が 300kb になるまで繋がった。一方で、Busco による評価では complete は 80% ほどで、改善の余地が見られた。また、これまでゲノムサイズが不明であるがゆえにアセンブルのクオリティを判断するのが困難であった。

本年度は、(1) フローサイトメトリーによるゲノムサイズ推定を行なっていただき、407.1Mb (95%CI 390.0-424.1Mb) という結果が得られた。更に、(2) シーケンスの補正方法およびアセンブルの手法を改善していただいた。この結果、データサイズ 455Mb、配列数 1,357、N50=666kb、BUSCO(metazoa) : C:96.4% [S:89.6%, D:6.8%], F:1.8%, M:1.8% と、若干の duplication 率が高く予想ゲノム長よりやや大きいデータサイズになったが、N50 や Complete の割合は明確に改善した。今後、これらのデータと RNA-seq のデータを元に遺伝子モデル予測、転写因子の網羅的同定といったステップに進んでいく予定である。また、Hi-C を用いた scaffolding を並行して行い、染色体レベルのゲノム配列構築を行っていく。

7. 研究成果発表等の予定

R4 年度の日本動物学会、および新学術領域 (進化の制約と方向性) の領域会議等での成果発表を計画している。

8. 備考

(注1) 記入例に沿って所属先機関名、部局名、職名、氏名を記載してください。

(注2) 研究会の場合は参加者リストを別紙 (様式任意) として添付してください。

(注3) 共同利用研究分担者及び研究会参加者各位に、(注4) のとおり所属先機関名、部局名、職名、氏名が公開されることのできることを了承してください。情報公開に関する承認が得られなかった場合、承認を得られなかった方の情報は報告書に記載しないようご注意ください。

(注4) 共同利用研究実施報告書は基礎生物学研究所のホームページ (<http://www.nibb.ac.jp/collabo/invite/invite.html>) に公開されます。公開できない内容は省略し、簡潔にご記入ください。

(注5) 1. ~ 4. の情報に誤りがあった場合、担当係にて修正の上、自然科学共同利用・共同研究統括システム (NOUS) (<https://www.nins.jp/site/nous/>) に再アップロードしますのでご了承ください。

2022 年 5 月 27 日

基礎生物學研究所長 殿

（報告者）

所属：東京大学大学院理学系研究科

氏名：入江直樹

下記のとおり実施しましたので報告します。

記

1. 種別（いずれかをチェック☑してください。）

- ☐ 新規モデル生物開発共同利用研究
- ☐ 個別共同利用研究
- ☒ 統合ゲノミクス共同利用研究
- ☐ 統合イメージング共同利用研究
- ☐ 大型スペクトログラフ共同利用実験
- ☐ 生物遺伝資源新規保存技術開発共同利用研究
- ☐ 研究会
- ☐ トレーニングコース実施

2. 研究課題名

scRNA-seq から探る進化的に保存された脊椎動物器官形成期の細胞構成解明

3. 課題番号（審査結果通知書及び申請書に記載しています。）

21-322

4. 所内対応者

氏名：重信 秀治

（次ページに続く）

5. 共同利用研究分担者 (注1)(注2)(注3)

(記入例：自然大学大学院工学研究科 准教授 岡崎太郎)

- ・基礎生物學研究所 特任教授 成瀬清
- ・基礎生物學研究所 教授 高田慎治
- ・理化學研究所 研究員 上坂将弘

6. 研究成果の概要及び今後の展望

脊椎動物は様々な環境に適応した形態を進化させてきた一方で、進化的に非常に保存された解剖学的基本構造ボディプランを共有している。このボディプランが数億年の進化の過程で強固に保存されてきた理由は明らかになっていないが、この形態学的保存の背景には個体発生、特に器官形成期の保守性が密接に関係している可能性が指摘されてきた。

本研究課題では、脊椎動物の器官形成期とボディプランの進化的保守性の関係性を明らかにするために、器官形成期で進化的に保存されている細胞集団がボディプランの発生に関わっているかを調べた。本年度は複数の脊椎動物（メダカ、ゼブラフィッシュ、マウス、スッポン、ツメガエル、ヤツメウナギ）の器官形成期胚をサンプルとした single nucleus RNA-seq (snRNA-seq) を行い（サンプルごとに生物学的反復を2ずつ用意）、得られたデータの比較解析を行った。

ツメガエルとヤツメウナギの snRNA-seq データについては、クオリティの高いデータを取得できなかったものの、他の生物種については質の高いデータが取得できた。メダカ、ゼブラフィッシュ、マウス、スッポンの snRNA-seq データは、生物学的反復間で再現性が非常に高いこと、また全胚 RNA-seq データの遺伝子発現プロファイルと整合的であることが確認できている。さらに、snRNA-seq の生物種間比較を行ったところ、脊椎動物の一部のボディプランに寄与する細胞が保存されていることを示唆する結果が得られた。一方で、脊椎動物レベルの1細胞レベルの遺伝子発現プロファイルの比較解析は確立した解析パイプラインが存在しないため、今後も引き続きデータ解析と解析パイプラインの確立を行っていく予定である。また、ツメガエルやヤツメウナギの snRNA-seq 法については、プロトコルの改良を行い、他の生物種に匹敵するデータの取得を目指す。

7. 研究成果発表等の予定

本研究課題から得られた知見は、学会発表や論文発表を通して公開する予定である。また、本研究で得られた脊椎動物胚の snRNA-seq データは、進化発生学研究において重要なリソースとなりうるため、公共データベースに登録し公開する予定である。

8. 備考

なし

基礎生物学研究所長 殿

（報告者）

所属：沖縄科学技術大学院大学

氏名：柳谷朗子

下記のとおり実施しましたので報告します。

記

1. 種別（いずれかをチェック☑してください。）

- ☐ 新規モデル生物開発共同利用研究
- ☐ 個別共同利用研究
- ☒ 統合ゲノミクス共同利用研究
- ☐ 統合イメージング共同利用研究
- ☐ 大型スペクトログラフ共同利用実験
- ☐ 生物遺伝資源新規保存技術開発共同利用研究
- ☐ 研究会
- ☐ トレーニングコース実施

2. 研究課題名

膵β細胞の恒常性維持に必要な転写後制御の解析

3. 課題番号（審査結果通知書及び申請書に記載しています。）

21-323

4. 所内対応者

氏名： 基礎生物学研究所 生物機能情報分析室 教授 重信秀治

（次ページに続く）

5. 共同利用研究分担者 (注1)(注2)(注3)

(記入例：自然大学大学院工学研究科 准教授 岡崎太郎)

- ・ 基礎生物学研究所 生物機能情報分析室 教授 重信秀治
- ・
- ・
- ・

6. 研究成果の概要及び今後の展望

膵β細胞の恒常性維持に必要な転写後制御の分子機構の解明の為に、RNA の m6A 修飾を解析する MeRIP-Seq /m6A-seq 解析を行っている。

7. 研究成果発表等の予定

研究成果をまとめて論文を投稿する予定である。

8. 備考

(注1) 記入例に沿って所属先機関名、部局名、職名、氏名を記載してください。

(注2) 研究会の場合は参加者リストを別紙(様式任意)として添付してください。

(注3) 共同利用研究分担者及び研究会参加者各位に、(注4)のとおり所属先機関名、部局名、職名、氏名が公開されることのできることを了承してください。情報公開に関する承認が得られなかった場合、承認を得られなかった方の情報は報告書に記載しないようご注意ください。

(注4) 共同利用研究実施報告書は基礎生物学研究所のホームページ(<http://www.nibb.ac.jp/collabo/invite/invite.html>)に公開されます。公開できない内容は省略し、簡潔にご記入ください。

(注5) 1. ～ 4. の情報に誤りがあった場合、担当係にて修正の上、自然科学共同利用・共同研究統括システム(NOUS) (<https://www.nins.jp/site/nous/>)に再アップロードしますのでご了承ください。

2022 年 5 月 20 日

基礎生物學研究所長 殿

（報告者）

所属：九州工業大学

氏名：飯田 緑

下記のとおり実施しましたので報告します。

記

1. 種別（いずれかをチェック☑してください。）

- ☐ 新規モデル生物開発共同利用研究
- ☐ 個別共同利用研究
- ☒ 統合ゲノミクス共同利用研究
- ☐ 統合イメージング共同利用研究
- ☐ 大型スペクトログラフ共同利用実験
- ☐ 生物遺伝資源新規保存技術開発共同利用研究
- ☐ 研究会
- ☐ トレーニングコース実施

2. 研究課題名

アンプリコン解析用ソフトウェア（CLiCKAR: click to analyze pooled amplicon sequence data using R）の大規模計算機システムでの運用

3. 課題番号（審査結果通知書及び申請書に記載しています。）

21-324

4. 所内対応者

氏名：内山 郁夫

（次ページに続く）

5. 共同利用研究分担者 (注1)(注2)(注3)

(記入例：自然大学大学院工学研究科 准教授 岡崎太郎)

- ・基礎生物学研究所 新規モデル生物開発センター 特任准教授 鈴木 賢一
- ・基礎生物学研究所 情報管理解析室 技術職員 西出 浩世

6. 研究成果の概要及び今後の展望

本研究の目的は、基礎生物学研究所との共同研究により開発したアンプリコン解析用 web ツール CLiCKAR: CLiCK (CRISPR) + Amplicon-seq + R の大規模計算機システム(生物情報解析システム)における持続的な運営である。本研究課題では、アンプリコン解析用 web ツールである CLiCKAR の生物情報解析システムへの持続的な運営のために、ソフトウェアの管理・修正を九州工業大学の飯田が、ソフトウェアを動かすシステムの運営を基礎生物学研究所の研究分担者が行っている。

今年度は、サーバーのアップデートに伴い、R のライブラリのバージョンが合わなくなっていたためにダウンロード機能が使えないというバグがあった。現在は、このバグの修正を行い、V1.1.0 を公開している。このバグの修正期間中には、アメリカの大学からも問い合わせがあり、CLiCKAR が日本だけでなく、世界で使用されていることが窺えた。実際に、本年度は新たに CLiCKAR を使用した論文が出版されている。

次年度は、CLiCKAR (V1.1.0) の運営とアップデートを予定している。また、マルチユーザーや新機能を追加した CLiCKAR2 の開発も行っており、生物情報解析システムへの CLiCKAR2 の実装を行う予定である。

7. 研究成果発表等の予定

本共同研究の研究成果は、すでに論文として発表している (Iida M. et al., 2020)。このため、今後は現在開発中の CLiCKAR2 の実装後に論文を発表する予定である。

8. 備考

(注1) 記入例に沿って所属先機関名、部局名、職名、氏名を記載してください。

(注2) 研究会の場合は参加者リストを別紙(様式任意)として添付してください。

(注3) 共同利用研究分担者及び研究会参加者各位に、(注4)のとおり所属先機関名、部局名、職名、氏名が公開されることのできることを了承してください。情報公開に関する承認が得られなかった場合、承認を得られなかった方の情報は報告書に記載しないようご注意ください。

(注4) 共同利用研究実施報告書は基礎生物学研究所のホームページ (<http://www.nibb.ac.jp/collabo/invite/invite.html>) に公開されます。公開できない内容は省略し、簡潔にご記入ください。

(注5) 1. ~ 4. の情報に誤りがあった場合、担当係にて修正の上、自然科学共同利用・共同研究統括システム(NOUS) (<https://www.nins.jp/site/nous/>) に再アップロードしますのでご了承ください。

基礎生物学研究所長 殿

（報告者）

所属：東京都立大学

氏名：岡田泰和

下記のとおり実施しましたので報告します。

記

1. 種別（いずれかをチェック☑してください。）

- ☐ 新規モデル生物開発共同利用研究
- ☐ 個別共同利用研究
- ☒ 統合ゲノミクス共同利用研究
- ☐ 統合イメージング共同利用研究
- ☐ 大型スペクトログラフ共同利用実験
- ☐ 生物遺伝資源新規保存技術開発共同利用研究
- ☐ 研究会
- ☐ トレーニングコース実施

2. 研究課題名

昆虫の性行動・社会行動のゲノム基盤解析

3. 課題番号（審査結果通知書及び申請書に記載しています。）

21-325

4. 所内対応者

氏名： 重信 秀治 教授

（次ページに続く）

5. 共同利用研究分担者 (注1)(注2)(注3)

(記入例：自然大学大学院工学研究科 准教授 岡崎太郎)

- ・
- ・
- ・
- ・

6. 研究成果の概要及び今後の展望

トゲオオハリアリは単型のアリで、カースト役割がサイズによって決まっておらず、原始的な社会行動を示すアリである。本種では順位によって最上位(アルファ)個体が女王に、他の個体が不妊のワーカーの役割をする。女王やワーカーへの分化を引き起こす遺伝子はカースト特異性に加えて、その発現部位や発現時期を知ることが、生理学的理解とつなげる上で非常に重要である。RNAseqを用いた解析から、脳に加えて脂肪体という昆虫の栄養代謝および貯蔵にかかわる組織が生理的分化に重要な役割を果たす点に注目した解析を進め、ワーカーの加齢に従って発現が変化する遺伝子を約 1000 個同定した。

これまで、2つのコロニーについて全個体(50-80匹)の活動性や行動パターンを画像解析によって定量化したのち、全個体の脳と脂肪体を取り出し、RNAseqに供した。また、Chromium法を用いたIlluminaでのゲノムシーケンスからドラフトゲノム情報を得ており、アノテーションの充実を図っている。当初計画にあった、アリル特異的発現については、ゲノムリシーケンスやSNP解析を行い、カースト特異的遺伝子における発現由来親バイアスの有無を検証する統計解析に入っている。

性的形質の進化遺伝モデルとしてシステムを構築中のオオツノコクヌストモドキでも、同様にChromiumとRNAseqを用いた良質のゲノム情報が得られており、これを活用した精緻な発現解析・機能解析を行い、これまで20遺伝子近くのノックダウンを行った。

7. 研究成果発表等の予定

本年度年内を目標にトゲオオハリアリとオオツノのゲノム情報を論文発表し、全コロニー個体を対照としたコロニーRNAseqの結果について、行動学・分子生物学的知見をまとめ、論文として発表する。

8. 備考

新型コロナウイルスに加え、都立大理学部8号館の火災による停電(2年続くらい)の影響により、実験がやや遅延しており計画が延長する可能性がある。インフォマティクス手法の習熟・進行につとめたい。

(注1) 記入例に沿って所属先機関名、部局名、職名、氏名を記載してください。

(注2) 研究会の場合は参加者リストを別紙(様式任意)として添付してください。

(注3) 共同利用研究分担者及び研究会参加者各位に、(注4)のとおり所属先機関名、部局名、職名、

氏名が公開されることので了承を得てください。情報公開に関する承認が得られなかった場合、承認を得られなかった方の情報は報告書に記載しないようご注意ください。

(注4) 共同利用研究実施報告書は基礎生物学研究所のホームページ (<http://www.nibb.ac.jp/collabo/invite/invite.html>) に公開されます。公開できない内容は省略し、簡潔にご記入ください。

(注5) 1. ～ 4. の情報に誤りがあった場合、担当係にて修正の上、自然科学共同利用・共同研究統括システム(NOUS) (<https://www.nins.jp/site/nous/>) に再アップロードしますのでご了承ください。

2022 年 5 月 31 日

基礎生物学研究所長 殿

（報告者）

所属：麻布大学 生命・環境科学部

氏名：新田 梢

下記のとおり実施しましたので報告します。

記

1. 種別（いずれかをチェック☑してください。）

- ☐ 新規モデル生物開発共同利用研究
- ☐ 個別共同利用研究
- ☒ 統合ゲノミクス共同利用研究
- ☐ 統合イメージング共同利用研究
- ☐ 大型スペクトログラフ共同利用実験
- ☐ 生物遺伝資源新規保存技術開発共同利用研究
- ☐ 研究会
- ☐ トレーニングコース実施

2. 研究課題名

送粉適応した花形質の進化：夜咲きの遺伝子基盤と進化過程の解明

3. 課題番号（審査結果通知書及び申請書に記載しています。）

21-326

4. 所内対応者

氏名： 重信 秀治

（次ページに続く）

5. 共同利用研究分担者 (注1)(注2)(注3)

(記入例：自然大学大学院工学研究科 准教授 岡崎太郎)

- ・金沢大学 疾患モデル総合研究センター 助教 西山智明
- ・一般社団法人 九州オープンユニバーシティ 理事 矢原徹一

6. 研究成果の概要及び今後の展望

送粉適応した花形質が、ハマカンゾウのような昼咲きのアゲハチョウ媒の状態からキスゲの夜咲きのスズメガ媒の状態へと進化する機構を解明するため、ゲノム情報と花卉組織で発現している遺伝子群を解析し、ハマカンゾウとキスゲの花形質(開花時間・花色・花香)の違いに関与する遺伝子を明らかにすることを目的として研究を進めている。

2021年度は、昨年度得られたゲノムシーケンスの解析をすすめ、アセンブルしたゲノム配列情報に対して BLAST 検索を行い、ハマカンゾウとキスゲの時計遺伝子 TOC1 の配列を得た。現在、LHY 遺伝子の候補配列の検討を行っている。

今後、時計遺伝子の候補の配列について、ゲノム配列と RNA-seq で得られているデータを解析し、ハマカンゾウとキスゲの比較を行う。

7. 研究成果発表等の予定

解析を進め、学会発表を行う。成果をまとめ、論文投稿を行う。

8. 備考

(注1) 記入例に沿って所属先機関名、部局名、職名、氏名を記載してください。

(注2) 研究会の場合は参加者リストを別紙(様式任意)として添付してください。

(注3) 共同利用研究分担者及び研究会参加者各位に、(注4)のとおり所属先機関名、部局名、職名、氏名が公開されることのできることを了承してください。情報公開に関する承認が得られなかった場合、承認を得られなかった方の情報は報告書に記載しないようご注意ください。

(注4) 共同利用研究実施報告書は基礎生物学研究所のホームページ(<http://www.nibb.ac.jp/collabo/invite/invite.html>)に公開されます。公開できない内容は省略し、簡潔にご記入ください。

(注5) 1.～4.の情報に誤りがあった場合、担当係にて修正の上、自然科学共同利用・共同研究統括システム(NOUS) (<https://www.nins.jp/site/nous/>)に再アップロードしますのでご了承ください。

基礎生物學研究所長 殿

（報告者）

所属：中部大学応用生物學部

氏名：大場裕一

下記のとおり実施しましたので報告します。

ホタルにおける発光形質の進化プロセスの解明と地域個体群の保全を志向した、ポストホタルゲノムとしてのメタボロミクスとリシーケンス解析

ホタルにおける発光形質の進化プロセスの解明と地域個体群の保全を志向した、ポストホタルゲノムとしてのメタボロミクスとリシーケンス解析

記

1. 種別（いずれかをチェック☑してください。）

- ☐ 新規モデル生物開発共同利用研究
- ☐ 個別共同利用研究
- ☒ 統合ゲノミクス共同利用研究
- ☐ 統合イメージング共同利用研究
- ☐ 大型スペクトログラフ共同利用実験
- ☐ 生物遺伝資源新規保存技術開発共同利用研究
- ☐ 研究会
- ☐ トレーニングコース実施

2. 研究課題名

ホタルにおける発光形質の進化プロセスの解明と地域個体群の保全を志向した、ポストホタルゲノムとしてのメタボロミクスとリシーケンス解析

3. 課題番号（審査結果通知書及び申請書に記載しています。）

21-327

4. 所内対応者

氏名：重信秀治

（次ページに続く）

5. 共同利用研究分担者 (注1)(注2)(注3)

- ・遺伝学研究所 助教 川島武士
- ・遺伝学研究所 特任准教授 櫻井望
- ・名古屋大学 理学研究科 別所学

6. 研究成果の概要及び今後の展望

ヘイケボタル Ikeya-Y90 系統に現れた黒化個体サブ系統のリシーケンスデータを解析したが、変異箇所が思いのほか多く、黒化の原因となった変異の特定に至らなかった。そこで、黒化個体と野生型個体の掛け合わせを行い、F1 を終齢幼虫まで育てることに成功した。黒化個体系統については、発光形質や形態的な特徴を調べ、その結果、野生型に比べ発光が弱く、また複眼表面のクチクラが完全に黒化していることが新たに分かった(川野ら, 2022)。掛け合わせ個体の F2 黒化型が得られた時点で、親個体(冷凍して基礎生物学研究所に保存中)とともにリシーケンスを行い、黒化の原因となった変異の特定を目指す。また、ヘイケボタルの Hi-C 解析の準備として、消化管内容物が存在しない蛹からの DNA 抽出を試みたが、クロマチン DNA の分解が進んでいることがわかり、解析に適切な DNA 抽出法を今後検討する必要があることがわかった。

7. 研究成果発表等の予定

黒化型系統の形態的特徴については簡単に報告しておく必要があると考え、以下の和文誌に発表した。

川野敬介、ジョゼ・パイティオ、池谷治義、大場裕一(2022) 黒化型ヘイケボタルの形態、発光、および受光に関する研究. 豊田ホタルの里ミュージアム研究報告書 14, 1-14.

8. 備考

(注1) 記入例に沿って所属先機関名、部局名、職名、氏名を記載してください。

(注2) 研究会の場合は参加者リストを別紙(様式任意)として添付してください。

(注3) 共同利用研究分担者及び研究会参加者各位に、(注4)のとおり所属先機関名、部局名、職名、氏名が公開されることのできることを了承してください。情報公開に関する承認が得られなかった場合、承認を得られなかった方の情報は報告書に記載しないようご注意ください。

(注4) 共同利用研究実施報告書は基礎生物学研究所のホームページ(<http://www.nibb.ac.jp/collabo/invite/invite.html>)に公開されます。公開できない内容は省略し、簡潔にご記入ください。

(注5) 1. ~ 4. の情報に誤りがあった場合、担当係にて修正の上、自然科学共同利用・共同研究統括システム(NOUS) (<https://www.nins.jp/site/nous/>)に再アップロードしますのでご了承ください。

2022 年 4 月 4 日

基礎生物学研究所長 殿

（報告者）

所属：法政大学マイクロナノテクノロジー
研究センター

氏名：小林一三

下記のとおり実施しましたので報告します。

記

1. 種別（いずれかをチェック☑してください。）

- ☐ 新規モデル生物開発共同利用研究
- ☐ 個別共同利用研究
- ☒ 統合ゲノミクス共同利用研究
- ☐ 統合イメージング共同利用研究
- ☐ 大型スペクトログラフ共同利用実験
- ☐ 生物遺伝資源新規保存技術開発共同利用研究
- ☐ 研究会
- ☐ トレーニングコース実施

2. 研究課題名

一塩基分解能メチローム解読に基づくピロリ菌エピゲノム進化の解析

3. 課題番号（審査結果通知書及び申請書に記載しています。）

21-328

4. 所内対応者

氏名：内山郁夫

（次ページに続く）

5. 共同利用研究分担者 (注1)(注2)(注3)

(記入例：自然大学大学院工学研究科 准教授 岡崎太郎)

- ・基礎生物学研究所 教授 重信秀治
- ・千葉大学医学部 助教 福世真樹
- ・
- ・

6. 研究成果の概要及び今後の展望

生物の環境適応とりわけ宿主生物適応の問題に、種内多数のゲノムとエピゲノムを比較する「集団ゲノム学」手法で迫った。対象として、変異と組換えによってゲノム多様性が高く、多種多様な DNA メチル化酵素によってエピゲノム (=メチローム) 多様性が高いピロリ菌を選んだ。世界人口の半数に感染する胃癌の主因のピロリ菌の、病原性の機構は殆どわかっていないが、適応のための宿主操作と関係するという考えがある。

成果

1. 中国 CDC、小林研究室などによる日中韓のピロリ菌のゲノム配列を、系統によって分割し、各分集団に高度に特異的な SNP をタンパク構造上にマップした。それらのほとんどは宿主相互作用に関与するタンパクの機能を左右するアミノ酸を変えていた。これらの結果は、適応的宿主相互作用が集団の分化をもたらした事、細かく頻繁な相同組換えが連鎖を壊すことによって適応を進めることを強く示唆した。
2. 日本とベトナムからのピロリ菌について、胃癌と十二指腸潰瘍の疾患特異性に関わる SNP を GWAS で発見し、タンパク構造にマップすることによってそれらの作用機構を推測した。上の場合と同様に、それらのほとんどは宿主相互作用に関与するタンパクの機能を左右するアミノ酸を変えていた。これらの結果は、適応的宿主相互作用が病態差をもたらした事、細かく頻繁な相同組換えが連鎖を壊すことによって適応を進めることを強く示唆した。新しいがんタンパク候補が得られた。
3. 家族内感染株でのピロリ菌のメチロームの変換とトランスクリプトーム変換を関係づけた。エピゲノム変換に基づく適応進化を実証した。
4. HpGP (Helicobacter pylori Genome Project)の枠組みの中で、世界各地からの 1000 株のゲノム／メチロームを Pacbio で解読した。(アメリカ NCI との共同研究。)それぞれのメチロームについて 4mC, 6mA メチル化モチーフを取り出した。
5. この中の重要な株少数、上の家族内感染ピロリ菌コレクションの一部の 5mC メチロームを解読した。(アメリカ NEBiolabs との共同研究。)
6. HpGP の 1000 ゲノムの拡張コアについてシンテニーを明らかにした。コア遺伝子をオーソロジーによって整理した。
7. HpGP の 1000 ゲノムと公開ゲノムと 2 のゲノムを合わせて系統によって分割し、各分集団に高度に特異的な SNP をタンパク構造上にマップした。それらのほとんどは宿主相互作用に関与するタンパクの機能を左右するアミノ酸を変えていることを発見した。これらの結果は、適応的宿主相互作用が集団の分化をもたらした事、細かく頻繁な相同組換えが連鎖を壊すことによって適応を進めることを強く示唆した。
8. HpGP プロジェクトの枠組みの中で、重複遺伝子の遺伝子変換による進化、ベータヘリックス型

毒素の進化、プロフェージ遺伝子の進化を解析した。

9. AlphaFold によるタンパク構造予測を、NIBB のコンピューターに実装し、ピロリ菌のタンパクの構造予測を始めた。これらを、上の課題 7 に役立てた。

展望

4 (4mC, 6mA メチローム)について。メチル化酵素の遺伝子のゲノムからの網羅的な探索と合わせて、4mC, 6mA メチル化酵素遺伝子群の水平伝達とマイクロ配列進化によるメチロームの進化を明らかにする。

5 (5mC メチローム)について。5mC メチル化酵素の遺伝子のゲノムからの網羅的な探索と合わせる。他のゲノムにも外挿し、5mC メチル化状態を推測する。これらから、5mC メチル化酵素遺伝子群の水平伝達とマイクロ配列進化による 5mC メチロームの進化を明らかにする。

これらの結果と 3 の家族内感染の結果を関係付け、メチロームのマイクロ進化を明らかにし、形質の適応的進化と対応づける。エピゲノム変換に駆動される適応進化の全貌を明らかにする。

7 (適応) について。9 の AlphaFold 予測を活用して、適応の分子機構の解析を深める。HpGP1000 株に絞った解析から他の HpGP アウトプットと対応づける。逆に他の公開ゲノムを合わせた広い解析を進める。

6, 8 について。他の HpGP 参加者の解析の土台を提供する。

7. 研究成果発表等の予定

1. Yuanhai You, Kaisa Thorell, Lihua He, Koji Yahara, Yoshio Yamaoka, Jeong-Heon Cha, Kazunari Murakami, Yukako Katsura, TEAMHp, Ichizo Kobayashi, Daniel Falush, and Jianzhong Zhang. Genomic differentiation within East Asian *Helicobacter pylori*. *Microbial Genomics* 8: 000676. DOI 10.1099/mgen.0.000676.

2. Vo Phuoc Tuan, Koji Yahara, Ho Dang Quy Dung, Tran Thanh Binh, Pham Huu Tung, Tran Dinh Tri, Ngo Phuong Minh Thuan, Vu Van Khien, Tran Thi Huyen Trang, Bui Hoang Phuc, Evariste Tshibangu-Kabamba, Takashi Matsumoto, Junko Akada, Rumiko Suzuki, Tadayoshi Okimoto, Masaaki Kodama, Kazunari Murakami, Hirokazu Yano, Masaki Fukuyo, Noriko Takahashi, Mototsugu Kato, Shin Nishiumi, Takashi Azuma, Yoshitoshi Ogura, Tetsuya Hayashi, Atsushi Toyoda, Ichizo Kobayashi, Yoshio Yamaoka. Genome-wide association study of gastric cancer- and duodenal ulcer-derived *Helicobacter pylori* strains reveals discriminatory genetic variations and novel oncoprotein candidates. DOI 10.1099/mgen.0.000680. *Microbial Genomics* 7: 000680. <https://doi.org/10.1099/mgen.0.000680>

8. 備考

(注 1) 記入例に沿って所属先機関名、部局名、職名、氏名を記載してください。

(注 2) 研究会の場合は参加者リストを別紙(様式任意)として添付してください。

(注 3) 共同利用研究分担者及び研究会参加者各位に、(注 4) のとおり所属先機関名、部局名、職名、氏名が公開されることの下承を得てください。情報公開に関する承認が得られなかった場合、承認を得ら

れなかった方の情報は報告書に記載しないようご注意ください。

(注4) 共同利用研究実施報告書は基礎生物学研究所のホームページ (<http://www.nibb.ac.jp/collabo/invite/invite.html>) に公開されます。公開できない内容は省略し、簡潔にご記入ください。

(注5) 1. ～ 4. の情報に誤りがあった場合、担当係にて修正の上、自然科学共同利用・共同研究統括システム(NOUS) (<https://www.nins.jp/site/nous/>) に再アップロードしますのでご了承ください。

2022 年 5 月 30 日

基礎生物學研究所長 殿

（報告者）

所属：産業技術総合研究所

氏名：古賀隆一

下記のとおり実施しましたので報告します。

記

1. 種別（いずれかをチェック☑してください。）

- ☐ 新規モデル生物開発共同利用研究
- ☐ 個別共同利用研究
- ☒ 統合ゲノミクス共同利用研究
- ☐ 統合イメージング共同利用研究
- ☐ 大型スペクトログラフ共同利用実験
- ☐ 生物遺伝資源新規保存技術開発共同利用研究
- ☐ 研究会
- ☐ トレーニングコース実施

2. 研究課題名

昆虫—微生物共生可能性の探索と分子基盤の解明

3. 課題番号（審査結果通知書及び申請書に記載しています。）

21-329

4. 所内対応者

氏名：重信 秀治

（次ページに続く）

5. 共同利用研究分担者 (注1)(注2)(注3)

(記入例：自然大学大学院工学研究科 准教授 岡崎太郎)

•

6. 研究成果の概要及び今後の展望

比較転写学的解析による共生関連遺伝子の同定を目指し、昨年度までにチャバネアオカメムシの共生細菌ならびに潜在的共生細菌を感染させた宿主カメムシの共生部位における遺伝子発現パターンの網羅的遺伝子発現解析を実施した。今年度はこれら細菌について、人工培養条件下の解析を実施した。

7. 研究成果発表等の予定

今後は取得した RNAseq 解析の結果を比較転写学的解析に供し、共生条件や人工培養条件において特異的に発現変化する遺伝子群を見出すとともに、興味深い発現パターンを示した遺伝子については、その欠損細菌株を作出し、宿主への影響や微生物学的性質の変化を解析する。

8. 備考

(注1) 記入例に沿って所属先機関名、部局名、職名、氏名を記載してください。

(注2) 研究会の場合は参加者リストを別紙(様式任意)として添付してください。

(注3) 共同利用研究分担者及び研究会参加者各位に、(注4)のとおり所属先機関名、部局名、職名、氏名が公開されることのできることを了承してください。情報公開に関する承認が得られなかった場合、承認を得られなかった方の情報は報告書に記載しないようご注意ください。

(注4) 共同利用研究実施報告書は基礎生物学研究所のホームページ(<http://www.nibb.ac.jp/collabo/invite/invite.html>)に公開されます。公開できない内容は省略し、簡潔にご記入ください。

(注5) 1.～4.の情報に誤りがあった場合、担当係にて修正の上、自然科学共同利用・共同研究統括システム(NOUS) (<https://www.nins.jp/site/nous/>)に再アップロードしますのでご了承ください。

基礎生物学研究所長 殿

（報告者）

所属：理研 環境資源科学研究センター

氏名：門田 康弘

下記のとおり実施しましたので報告します。

記

1. 種別（いずれかをチェック☑してください。）

- ☐ 新規モデル生物開発共同利用研究
- ☐ 個別共同利用研究
- ☒ 統合ゲノミクス共同利用研究
- ☐ 統合イメージング共同利用研究
- ☐ 大型スペクトログラフ共同利用実験
- ☐ 生物遺伝資源新規保存技術開発共同利用研究
- ☐ 研究会
- ☐ トレーニングコース実施

2. 研究課題名

ゲノム解析、及びトランスクリプトーム解析によるネコブセンチュウの病原性機構の解明

3. 課題番号（審査結果通知書及び申請書に記載しています。）

21-330

4. 所内対応者

氏名：重信秀治

（次ページに続く）

5. 共同利用研究分担者 (注1)(注2)(注3)

(記入例：自然大学大学院工学研究科 准教授 岡崎太郎)

- ・理化学研究所 環境資源科学研究センター 副センター長 白須 賢
- ・理化学研究所 環境資源科学研究センター 訪問研究員(学振 PD) 佐藤 一輝
- ・東京大学理学部大学院 博士課程、学振 DC 飯野絵里香

6. 研究成果の概要及び今後の展望

植物寄生線虫は最も危険な病原微生物の一つであり、世界の作物生産に年間十数兆円という甚大な被害を及ぼす。最も問題となっている植物寄生線虫であるネコブセンチュウは非常に多くの農作物の根に感染しネコブを形成し、栄養を搾取することでその収量を低下させる。線虫の防除には毒性の強い農薬が使われており、環境負荷の小さい防除法の開発が望まれている。ナス科植物のトルバム(*Solanum torvum*)は多くの線虫に対して強い抵抗性を示すため、日本、及びヨーロッパでナス科作物用の台木として使われている。このトルバムはサツマイモネコブセンチュウ、タバコシストセンチュウ、アレナリアネコブセンチュウ(*Meloidogyne arenaria* 以降 *Ma*)沖縄型など多くの線虫に対して抵抗性であるが、*Ma* 本州型には感受性であった。そこで、トルバムに、*Ma* 本州型、及び *Ma* 沖縄型を感染させて遺伝子発現解析を行ったところ、*Ma* 沖縄型を感染部位において、免疫関連遺伝子や細胞壁の強化に働くリグニン合成系の遺伝子の発現が劇的に上昇することがわかった。実際、沖縄型の感染した根端ではリグニンが蓄積することがわかり、細胞壁を強化する抗線虫免疫反応が明らかとなった(Sato et al., 2021, Frontiers in Plant Science 12: 680151)。

線虫の病原性機構を解明するため *Ma* 本州型、及び沖縄型のゲノムを PacBio シークエンサーにより解読し、高品質なゲノムデータを取得し、*Ma* 沖縄型のゲノムについて誌上発表を行った (Sato et al., 2018, Genome Announcement. 28;6 (26))。

ゲノム情報から、病原性因子として構造的特徴を持つ遺伝子を探索するとともに、感染後に発現が上昇する病原性候補遺伝子を絞り込んだ。次に、エフェクター候補遺伝子の中から植物免疫を抑制する機能を持つ因子を絞り込んだ。さらに、酵母ツーハイブリッドスクリーニングによりターゲットとなる植物因子を探索した。現在、これら病原性因子と植物のターゲット因子の機能解析から線虫の病原性機構の解明を目指して研究を行っている。

7. 研究成果発表等の予定

Ma 本州型のゲノムの誌上発表を計画している。また、線虫の病原性因子と植物のターゲット因子の研究を進めており、その成果について早いうちに誌上発表したいと考えている。

8. 備考

(注1) 記入例に沿って所属先機関名、部局名、職名、氏名を記載してください。

（注２） 研究会の場合は参加者リストを別紙（様式任意）として添付してください。

（注３） 共同利用研究分担者及び研究会参加者各位に、（注４）のとおり所属先機関名、部局名、職名、氏名が公開されることの下承を得てください。情報公開に関する承認が得られなかった場合、承認を得られなかった方の情報は報告書に記載しないようご注意ください。

（注４） 共同利用研究実施報告書は基礎生物学研究所のホームページ（<http://www.nibb.ac.jp/collabo/invite/invite.html>）に公開されます。公開できない内容は省略し、簡潔にご記入ください。

（注５） １．～４．の情報に誤りがあつた場合、担当係にて修正の上、自然科学共同利用・共同研究統括システム(NOUS)（<https://www.nins.jp/site/nous/>）に再アップロードしますのでご了承ください。

2022 年 5 月 23 日

基礎生物学的研究所長 殿

（報告者）

所属：国立国際医療研究センター

氏名：竹本 訓彦

下記のとおり実施しましたので報告します。

記

1. 種別（いずれかをチェック☑してください。）

- ☐ 新規モデル生物開発共同利用研究
- ☐ 個別共同利用研究
- ☒ 統合ゲノミクス共同利用研究
- ☐ 統合イメージング共同利用研究
- ☐ 大型スペクトログラフ共同利用実験
- ☐ 生物遺伝資源新規保存技術開発共同利用研究
- ☐ 研究会
- ☐ トレーニングコース実施

2. 研究課題名

PacBio Sequencer を用いた DNA ミスマッチ直接検出法の確立

3. 課題番号（審査結果通知書及び申請書に記載しています。）

21-331

4. 所内対応者

氏名：内山 郁夫（基礎生物学的研究所 ゲノム情報研究室）

（次ページに続く）

5. 共同利用研究分担者 (注1)(注2)(注3)

(記入例：自然大学大学院工学研究科 准教授 岡崎太郎)

- ・該当なし

6. 研究成果の概要及び今後の展望

- ・ 2021 年度は 2020 年度に得られた結果について解析を実施した。まず、検出されたミスマッチの種類ごとに、ゲノム上の位置や周辺塩基に特徴がないかを検討した。解析の結果、検出されたミスマッチはいずれの種類についてもゲノム上での位置との相関は認められず、一様に分布していた。周辺塩基については、生物での変異スペクトルから予想される頻度と最も乖離して多く検出されたミスマッチについては、周辺塩基の偏りは比較的少なかった。一方で、生物の変異率からの予想頻度と比較的近い数のミスマッチが検出された変異については、周辺塩基が特定の塩基であるという偏りが僅かに見られた。この偏りは実際の生物において生じる変異の特徴とも合致しており、一部のデータについては解析開始時の想定通りの結果が得られている可能性がある。
- ・ ミスマッチが検出された塩基周辺の解析結果の正確性について検討したところ、いずれのミスマッチにおいてもミスマッチを形成するサイトでの正確性が低下していることが明らかとなった。
- ・ 特定のミスマッチが予想外に多く検出された原因として、ライブラリ調製時に DNA ダメージが起りやすい方法が使われているため、このミスマッチがライブラリ合成過程の DNA 修復工程に由来する可能性が予想された。

2021 年度は予算上の問題のため、新たな解析を行うことができなかったが、2021 年度中に解析に利用できる新たな予算を獲得した。このため 2022 年度も共同利用研究として本研究を継続し、新たなライブラリ調製法による系の確立を目指す。

7. 研究成果発表等の予定

解析で良好な結果が得られた際には関連する学会での発表、論文発表を行う予定である。

8. 備考

(注1) 記入例に沿って所属先機関名、部局名、職名、氏名を記載してください。

(注2) 研究会の場合は参加者リストを別紙(様式任意)として添付してください。

(注3) 共同利用研究分担者及び研究会参加者各位に、(注4)のとおり所属先機関名、部局名、職名、氏名が公開されることのできることを了承してください。情報公開に関する承認が得られなかった場合、承認を得られなかった方の情報は報告書に記載しないようご注意ください。

(注4) 共同利用研究実施報告書は基礎生物学研究所のホームページ(<http://www.nibb.ac.jp/collabo/invite/invite.html>)に公開されます。公開できない内容は省略し、簡潔にご記入ください。

(注5) 1. ～ 4. の情報に誤りがあった場合、担当係にて修正の上、自然科学共同利用・共同研究統括システム(NOUS) (<https://www.nins.jp/site/nous/>)に再アップロードしますのでご了承ください。

2022 年 4 月 19 日

基礎生物学研究所長 殿

（報告者）

所属：水産大学校生物生産学科

氏名：山崎 康裕

下記のとおり実施しましたので報告します。

記

1. 種別（いずれかをチェック☑してください。）

- ☐ 新規モデル生物開発共同利用研究
- ☐ 個別共同利用研究
- ☒ 統合ゲノミクス共同利用研究
- ☐ 統合イメージング共同利用研究
- ☐ 大型スペクトログラフ共同利用実験
- ☐ 生物遺伝資源新規保存技術開発共同利用研究
- ☐ 研究会
- ☐ トレーニングコース実施

2. 研究課題名

有害赤潮原因種ヘテロカプサの毒性発現機構の解明

3. 課題番号（審査結果通知書及び申請書に記載しています。）

21-332

4. 所内対応者

氏名：内山郁夫

（次ページに続く）

5. 共同利用研究分担者 (注1)(注2)(注3)

(記入例：自然大学大学院工学研究科 准教授 岡崎太郎)

・ 国立研究開発法人水産研究・教育機構 水産技術研究所 紫加田 知幸

6. 研究成果の概要及び今後の展望

有害赤潮の原因種である渦鞭毛藻 *Heterocapsa circularisquama* (以降、ヘテロカプサ) は、貝類に極めて強い毒性を示す。先行の生化学的な研究により、ヘテロカプサの毒素は膜タンパク質であると推定されているが、短時間で速やかに失活するため、毒素の精製が不可能である。そこで本研究では、毒性発現に関わる遺伝子群の特定を目的として、毒性の異なるヘテロカプサ株間における各種遺伝子発現量の比較解析を実施する。これまでに、ヘテロカプサの強毒2株と弱毒3株についてクラスタリングや多次元尺度構成法により解析した結果、両解析ではクラスターがヘテロカプサの毒性や分離海域では分類されなかった。よって、本年度は傾向が類似する2株(強毒1株と弱毒1株)についてエンリッチメント解析を実施した。

解析の結果、「強毒>弱毒」において G0 アノテーションが付いた遺伝子は 47,777 個あり、有意にエンリッチされた G0 タームとして光合成に関するものが多数ピックアップされていたことから、強毒株では光合成関連の遺伝子が特徴的に高発現していると考えられた。一方、「弱毒>強毒」においては、G0 アノテーションの付いた遺伝子が存在しなかった。今後は、本年度に解析を実施していない強毒1株と弱毒2株、および3パターンの栄養塩濃度条件下で培養した強毒株の全データを統合してさらなる詳細な解析を進め、毒素候補タンパク質の推定や毒素の作用メカニズムについて検討を進める予定である。

7. 研究成果発表等の予定

<学会発表(口頭)>

山崎康裕，紫加田知幸：簡易毒性試験を用いた渦鞭毛藻 *Heterocapsa circularisquama* が産生する毒素の性状解析. 令和3年度日本水産学会中国・四国支部例会，下関(2021)

なお、毒素の構造や作用メカニズムが明らかになった際には、論文や学会発表等で成果発表を行う予定である。

8. 備考

特になし。

(注1) 記入例に沿って所属先機関名、部局名、職名、氏名を記載してください。

(注2) 研究会の場合は参加者リストを別紙(様式任意)として添付してください。

(注3) 共同利用研究分担者及び研究会参加者各位に、(注4)のとおり所属先機関名、部局名、職名、氏名が公開されることのできることを了承してください。情報公開に関する承認が得られなかった場合、承認を得られなかった方の情報は報告書に記載しないようご注意ください。

(注4) 共同利用研究実施報告書は基礎生物学研究所のホームページ

(<http://www.nibb.ac.jp/collabo/invite/invite.html>)に公開されます。公開できない内容は省略し、簡潔にご記入ください。

(注5) 1. ～ 4. の情報に誤りがあった場合、担当係にて修正の上、自然科学共同利用・共同研究統括システム(NOUS) (<https://www.nins.jp/site/nous/>)に再アップロードしますのでご了承ください。

2022 年 4 月 20 日

基礎生物學研究所長 殿

（報告者）

所属：愛知県医療療育総合センター

氏名：高木豪

下記のとおり実施しましたので報告します。

記

1. 種別（いずれかをチェック☑してください。）

- ☐ 新規モデル生物開発共同利用研究
- ☐ 個別共同利用研究
- ☒ 統合ゲノミクス共同利用研究
- ☐ 統合イメージング共同利用研究
- ☐ 大型スペクトログラフ共同利用実験
- ☐ 生物遺伝資源新規保存技術開発共同利用研究
- ☐ 研究会
- ☐ トレーニングコース実施

2. 研究課題名

Homeostatic plasticity の制御機構の解明

3. 課題番号（審査結果通知書及び申請書に記載しています。）

21-333

4. 所内対応者

氏名：重信秀治

（次ページに続く）

5. 共同利用研究分担者 (注1)(注2)(注3)

(記入例：自然大学大学院工学研究科 准教授 岡崎太郎)

•

6. 研究成果の概要及び今後の展望

本年度は Homeostatic plasticity 現象の一つである Synaptic scaling up の誘導条件下における遺伝子変異マウス由来の初代神経細胞でのトランスクリプトーム解析を RNA-seq により行った。その結果、本条件下において変異神経細胞では 76 遺伝子(増加 45、減少 31)の発現が有意に変化していることが明らかとなった。今後は同じ培養条件下で、特定転写因子のクロマチンにおける局在を ChIP-seq により調べ、遺伝子発現の変化との相関解析を行うことで本転写因子の Synaptic scaling up 時における標的遺伝子をゲノムレベルで明らかにする。

7. 研究成果発表等の予定

8. 備考

(注1) 記入例に沿って所属先機関名、部局名、職名、氏名を記載してください。

(注2) 研究会の場合は参加者リストを別紙(様式任意)として添付してください。

(注3) 共同利用研究分担者及び研究会参加者各位に、(注4)のとおり所属先機関名、部局名、職名、氏名が公開されることのできることを了承してください。情報公開に関する承認が得られなかった場合、承認を得られなかった方の情報は報告書に記載しないようご注意ください。

(注4) 共同利用研究実施報告書は基礎生物学研究所のホームページ (<http://www.nibb.ac.jp/collabo/invite/invite.html>) に公開されます。公開できない内容は省略し、簡潔にご記入ください。

(注5) 1. ～ 4. の情報に誤りがあった場合、担当係にて修正の上、自然科学共同利用・共同研究統括システム(NOUS) (<https://www.nins.jp/site/nous/>) に再アップロードしますのでご了承ください。

2022 年 6 月 16 日

基礎生物學研究所長 殿

（報告者）

所属：名古屋大学大学院生命農学研究科

氏名： 鈴木 孝幸

下記のとおり実施しましたので報告します。

記

1. 種別（いずれかをチェック☑してください。）

- ☐ 新規モデル生物開発共同利用研究
- ☐ 個別共同利用研究
- ☒ 統合ゲノミクス共同利用研究
- ☐ 統合イメージング共同利用研究
- ☐ 大型スペクトログラフ共同利用実験
- ☐ 生物遺伝資源新規保存技術開発共同利用研究
- ☐ 研究会
- ☐ トレーニングコース実施

2. 研究課題名

ATAC-seq とシマヘビのゲノム解読による種に固有の仙椎の位置決定機構の解明

3. 課題番号（審査結果通知書及び申請書に記載しています。）

21-334

4. 所内対応者

氏名： 重信 秀治

（次ページに続く）

5. 共同利用研究分担者 (注1)(注2)(注3)

- ・名古屋大学大学院生命農学研究科 修士課程1年 野田隼世
- ・名古屋大学大学院生命農学研究科 博士課程1年 斎藤成治
- ・
- ・

6. 研究成果の概要及び今後の展望

これまでシマヘビ胚を採取し、仙椎の個性の決定に必須な Hox11 遺伝子のエンハンサー配列を ATAC-seq を用いたオープンクロマチン領域の同定により明らかにしたいと考えた。シマヘビ胚を採取し、ATAC-seq を行ったところ、シマヘビに近いと考えられる台湾ハブのゲノムにリードをマッピングした結果、CDS 以外の配列にほとんどリードがマッピングされなかった。そこで、2021 年度はシマヘビのゲノム解読を行い ATAC-seq のシーケンス結果を貼り付けることを目指した。シマヘビ胚から細胞を単離し、クロミウムによるロングリードを取得した。その結果、コンティグとして平均 30M を超える良好な配列情報を取得できた。その情報を元に ATAC-seq のリードを貼り付けた結果、Hox11 遺伝子座周辺のノンコーディング領域に複数のピークを発見した。これらのピークは Hox11 遺伝子のエンハンサー配列の候補となる。現在これらの領域をクローニングし、ニワトリ胚を用いたレポーターアッセイを行っており、シマヘビの仙椎領域の決定に関与するエンハンサー配列を同定出来ることが期待される。今後は、これらのエンハンサー活性を持つ領域を同定したのちに、マウスの ATAC-seq の結果と比較し、エンハンサー配列の違いから仙椎の位置決定に関わる上流のトランス因子の違いを明らかにしていきたい。

7. 研究成果発表等の予定

シマヘビゲノム解読成果は 2022 年度に Hi-C などのゲノム構造を解析した後に成果として発表する予定である。また ATAC-seq の解析後、オープンクロマチン領域からエンハンサーとしての機能解析をニワトリ胚を用いて行っている。2022 年度にシマヘビ特異的なエンハンサー領域の同定を行う予定であり、この結果を今後発表する予定である。

8. 備考

(注1) 記入例に沿って所属先機関名、部局名、職名、氏名を記載してください。

(注2) 研究会の場合は参加者リストを別紙(様式任意)として添付してください。

(注3) 共同利用研究分担者及び研究会参加者各位に、(注4)のとおり所属先機関名、部局名、職名、氏名が公開されることのできることを了承してください。情報公開に関する承認が得られなかった場合、承認を得られなかった方の情報は報告書に記載しないようご注意ください。

(注4) 共同利用研究実施報告書は基礎生物学研究所のホームページ(<http://www.nibb.ac.jp/collabo/invite/invite.html>)に公開されます。公開できない内容は省略し、

簡潔にご記入ください。

(注5) 1. ～ 4. の情報に誤りがあった場合、担当係にて修正の上、自然科学共同利用・共同研究統括システム(NOUS) (<https://www.nins.jp/site/nous/>) に再アップロードしますのでご了承ください。

2021 年 5 月 30 日

基礎生物學研究所長 殿

（報告者）

所属：東北大学大学院生命科学研究科

氏名：竹内秀明

下記のとおり実施しましたので報告します。

記

1. 種別（いずれかをチェック☑してください。）

- ☐ 新規モデル生物開発共同利用研究
- ☐ 個別共同利用研究
- ☒ 統合ゲノミクス共同利用研究
- ☐ 統合イメージング共同利用研究
- ☐ 大型スペクトログラフ共同利用実験
- ☐ 生物遺伝資源新規保存技術開発共同利用研究
- ☐ 研究会
- ☐ トレーニングコース実施

2. 研究課題名

メダカ全脳シングルセルトランスクリプトームリファレンスアトラス作成

3. 課題番号（審査結果通知書及び申請書に記載しています。）

21-335

4. 所内対応者

氏名：重信 秀治

（次ページに続く）

5. 共同利用研究分担者 (注1)(注2)(注3)

(記入例：自然大学大学院工学研究科 准教授 岡崎太郎)

- ・東北大学・大学院生命科学研究科・助教・安齋 賢
- ・東北大学・大学院生命科学研究科・大学院生・水口加奈子

6. 研究成果の概要及び今後の展望

<研究成果の概要>

2021 年度はメダカの脳を材料にしたとき、「どのようなプロトコルが細胞分離に適しているか?」「一回の実験で終脳からどのくらいの数の細胞が回収・解析できるか?」等の基礎データを収集することに成功した。摘出したメダカ終脳をプロテアーゼ（真菌由来のプロテアーゼ）処理後、物理的な攪拌（先の開いたチップによるピペッティング）により 1 細胞レベルに分離できることを確認した。（細胞生存率 80%以上）。分離した細胞を 10X Genomics Chromium により、分取、バーコーディング、ライブラリー作製を行った。そして次世代シーケンサーを用いて 3' 部分配列のシーケンス（バーコード 26 塩基 +125 塩基）を行った。結果はメダカ全脳から 4,786 細胞を回収し、そのトランスクリプトームデータを得ることに成功した。また 1 細胞あたり、79,738 リード/cell、1,040 遺伝子/cell、2,198 UMI/cell のデータを取得できた。過去のゼブラフィッシュ幼魚の全脳を用いた報告（Alexander F. Schier 研究室, Nat. Biotechnol. 36:442-450, 2018）では、1 匹の全脳から 6,000-12,000 細胞を回収して解析を行い、細胞当たり平均で 22,500 リード/cell、1,300 遺伝子/cell が同定できていたので、先行研究から予想される結果が得られた。また終脳は t-SNE 解析により 14 種類のクラスターに分類できることがわかった。

<今後の展望>

2022 年度は東京大学・大学院農学生命科学研究科・大久保範聡教授の研究グループを共同利用研究分担者に追加し、以下の 2 つの課題を実施する。

(1) メダカ脳シングルセルトランスクリプトームリファレンスアトラスの作成

終脳、視蓋を対象にメダカ成体のオス・メスの各 1 サンプルで計 4 サンプルを用いる。今回の予備実験から、1 つの脳領域において、6000 個程度の細胞が回収できれば主要なサブタイプは同定可能であると判断している。さらにゼブラフィッシュとメダカの遺伝子発現プロファイルの相同性検索により、二種間で保存された細胞集団が存在するか検証する。このように種間比較に関する解析結果もメダカ脳 sc-RNAseq アトラスに取り込む。

(2) シングルセルトランスクリプトームを用いた賦活化ニューロンの同定

sc-RNAseq によって賦活化ニューロンの遺伝子発現プロファイルを作成するためには、細胞分離のストレスで生じる最初期遺伝子の新規転写を抑制する必要がある。このため 2022 年度では、メダカ凍結脳を用いて、脳組織分散、細胞核の単離、シングル核トランスクリプトーム解析用ライブラリー作成の予備実験を行う。さらに特定の行動によって賦活化したニューロンを高い時間解像度で検出するために、核内に存在する最初期遺伝子の未成熟な mRNA（イントロン）を検出することが有効である（Okuyama et al., 2011, BBRC）。本年度は癲癇誘導薬を投与後に、液体窒素によっ

て急速冷凍した脳から細胞核を分離して sc-RNAseq を実施することで、最初期遺伝子の転写活性化が検出できるか検討する。

7. 研究成果発表等の予定

終脳、視蓋を対象にメダカ成体のオス・メスの各 1 サンプルで計 4 サンプルの結果が得られたら、2022 年度から共同利用研究分担者のなった東京大学・大学院農学生命科学研究科・教授・大久保範聡らのグループと共同で「メダカ脳シングルセルトランスクリプトームリファレンスアトラスの作成」というタイトルで論文を執筆・出版する予定である。

8. 備考

特になし

(注 1) 記入例に沿って所属先機関名、部局名、職名、氏名を記載してください。

(注 2) 研究会の場合は参加者リストを別紙(様式任意)として添付してください。

(注 3) 共同利用研究分担者及び研究会参加者各位に、(注 4) のとおり所属先機関名、部局名、職名、氏名が公開されることの下承を得てください。情報公開に関する承認が得られなかった場合、承認を得られなかった方の情報は報告書に記載しないようご注意ください。

(注 4) 共同利用研究実施報告書は基礎生物学研究所のホームページ (<http://www.nibb.ac.jp/collabo/invite/invite.html>) に公開されます。公開できない内容は省略し、簡潔にご記入ください。

(注 5) 1. ～ 4. の情報に誤りがあった場合、担当係にて修正の上、自然科学共同利用・共同研究統括システム(NOUS) (<https://www.nins.jp/site/nous/>) に再アップロードしますのでご了承ください。

基礎生物學研究所長 殿

（報告者）

所属：東京大学薬学系研究科

氏名：長井広樹

下記のとおり実施しましたので報告します。

記

1. 種別（いずれかをチェック☑してください。）

- ☐ 新規モデル生物開発共同利用研究
- ☐ 個別共同利用研究
- ☒ 統合ゲノミクス共同利用研究
- ☐ 統合イメージング共同利用研究
- ☐ 大型スペクトログラフ共同利用実験
- ☐ 生物遺伝資源新規保存技術開発共同利用研究
- ☐ 研究会
- ☐ トレーニングコース実施

2. 研究課題名

栄養摂取に応じた腸内分泌細胞の脱分化メカニズム解析

3. 課題番号（審査結果通知書及び申請書に記載しています。）

21-336

4. 所内対応者

氏名：重信 秀治

（次ページに続く）

5. 共同利用研究分担者 (注1)(注2)(注3)

(記入例：自然大学大学院工学研究科 准教授 岡崎太郎)

・東京大学薬学系研究科 講師 中嶋悠一郎

6. 研究成果の概要及び今後の展望

本研究課題では、報告者が独自に見出した、栄養環境の変化に応答してショウジョウバエ成虫中腸に存在する腸内分泌細胞が脱分化するという生命現象について、そのメカニズムに迫ることを目的としている。脱分化にはダイナミックな遺伝子発現変化が伴うことが予想される。そこで、腸内分泌細胞の RNA-seq を行い、脱分化を制御する遺伝子群を同定することを目指してきた。報告者および研究分担者はショウジョウバエ個体の腸管から FACS により内分泌細胞を単離する実験系を確立し、シーケンス用の RNA サンプルを調製した。本年度は、(1) 飢餓条件、(2) 飢餓状態から再摂食した条件、(3) 再摂食時に特定の栄養素を欠乏させた条件、の3条件について、各3サンプル(計9サンプル)を用意し、所内対応者である重信先生らにライブラリ作成とシーケンスを行っていただいた。シーケンス結果を解析すると、各条件のサンプルは異なる遺伝子発現パターンを示し、脱分化へ関与する可能性のある栄養応答遺伝子の候補をリストアップすることができた。興味深いことに、脱分化が誘導されている条件のサンプルで発現上昇しており、かつ報告者らが別途実施した scRNA-seq でも発現変動が見られた遺伝子にはエピジェネティック制御因子が含まれていた。細胞運命の変化とエピジェネティクスは密接に関連しており、腸内分泌細胞の脱分化制御メカニズムに迫る上で重要な糸口を得ることができた。今後、得られた候補遺伝子が脱分化に関与するか組織学的解析により検討するとともに、その遺伝子発現パターンを *in vivo* で検討することで、脱分化ポピュレーションの新規マーカー遺伝子の同定を試みる。

7. 研究成果発表等の予定

現在、本課題について原著論文を準備中である。また、投稿に合わせて複数の学術集会で成果発表を予定している。

8. 備考

特になし。

(注1) 記入例に沿って所属先機関名、部局名、職名、氏名を記載してください。

(注2) 研究会の場合は参加者リストを別紙(様式任意)として添付してください。

(注3) 共同利用研究分担者及び研究会参加者各位に、(注4)のとおり所属先機関名、部局名、職名、氏名が公開されることのできることを了承してください。情報公開に関する承認が得られなかった場合、承認を得られなかった方の情報は報告書に記載しないようご注意ください。

(注4) 共同利用研究実施報告書は基礎生物学研究所のホームページ(<http://www.nibb.ac.jp/collabo/invite/invite.html>)に公開されます。公開できない内容は省略し、簡潔にご記入ください。

(注5) 1. ~ 4. の情報に誤りがあった場合、担当係にて修正の上、自然科学共同利用・共同研究統括システム(NOUS) (<https://www.nins.jp/site/nous/>)に再アップロードしますのでご了承ください。

基礎生物学研究所長 殿

（報告者）

所属：弘前大学農学生命科学部

氏名：小林 一也

下記のとおり実施しましたので報告します。

記

1. 種別（いずれかをチェック☑してください。）

- ☐ 新規モデル生物開発共同利用研究
- ☐ 個別共同利用研究
- ☒ 統合ゲノミクス共同利用研究
- ☐ 統合イメージング共同利用研究
- ☐ 大型スペクトログラフ共同利用実験
- ☐ 生物遺伝資源新規保存技術開発共同利用研究
- ☐ 研究会
- ☐ トレーニングコース実施

2. 研究課題名

プラナリア無性個体の「性」への貢献:幹細胞の変異が果たして多様性を産むか?

3. 課題番号（審査結果通知書及び申請書に記載しています。）

21-337

4. 所内対応者

氏名：重信 秀治

（次ページに続く）

5. 共同利用研究分担者 (注1)(注2)(注3)

(記入例：自然大学大学院工学研究科 准教授 岡崎太郎)

- ・基礎生物学研究所再生生物学研究 所長 阿形清和
- ・慶應義塾大学理工学部 准教授 松本 緑
- ・慶應義塾大学自然科学教育研究センター 助教 古川 亮平
- ・弘前大学農学生命科学部 機関研究員 熊谷 信是

6. 研究成果の概要及び今後の展望

本研究では、*Dugesia ryukyuensis* クローン集団 (OH 株) の有性化系／交配系を用いて、プラナリアが無性世代にネオブラストに蓄積する SNP 変異や indel 変異が有性化後の有性生殖で多様性の創出に寄与しているかを検証することで、無性世代での多様性獲得という新概念を提案することを目的とする。プラナリアではネオブラストを持つにもかかわらず、有性個体になると生殖幹細胞を誘導する。一見矛盾する生物現象に見えるが、研究代表者は有性化過程で決定された生殖幹細胞はネオブラストから cell turn over で追加補充されることなく、かつ、配偶子形成の「品質管理」のために特化した役割を担っていると予想している。つまり、一度、有性世代に入ると無性世代とは逆に SNP/indel 変異によるネオブラストの多様性は子孫には反映されないと考えているので、同時にこの仮説も検証する。

これらの仮説の検証のためには、*D. ryukyuensis* のゲノム情報を必要とする。*D. ryukyuensis* OH 株は3倍体であるが変則的な減数分裂を行い、自家交雑で3倍体個体と2倍体個体を産む(Kobayashi et al., Chromosoma, 2008; Chinone et al., Chromosoma, 2014)。これまで、研究分担者である阿形博士と所内対応者である重信博士が、同じく研究分担者である松本博士が確立した有性化 OH 個体を交配させて得た2倍体の無性 F1 株と3倍体である OH 株を材料にして、次世代シーケンサーIllumina HiSeq で約 200bp の短いリード情報を用いて K-mer 解析を行った。その結果、2倍体無性 F1 株がゲノム解読に相当であることがわかった (ゲノムサイズは約 1.26Gbp と推定)。

D. ryukyuensis のゲノム解読のために de novo アセンブリを行う必要がある。これまでゲノム抽出法を確立し、Chromium による linked read シーケンスを行なったが予想よりも解読状況が芳しくない。現在、手法を Nanopore や Sequel IIe による Long read シーケンスに変えてゲノム解読を進めている。ゲノム解読が完了した後は、以下の実験を行う予定である。

無性 F1 株の一部に有性化をかけて有性化 F1 株を作成する。SNP/indel 変異の効率を上げるために、X線照射を行う。無性 F1 株と有性化 F1 株をそれぞれ2群に分けて、X線照射グループと非照射グループを作り、これらの4グループを10ヶ月維持する。この間、無性 F1 株の2群は自然状態での無性生殖だけでなく、切断／再生を行い人為的に無性生殖の世代を付加する。10ヶ月後に無性 F1 株の2群を実験的に有性化する。すべてが有性化個体となった4グループ毎に交配を行い、それぞれの F2 を得る。セルソータを用いてネオブラストと体細胞を分離する技術が研究分担者の阿形博士によって確立されている(Hayashi et al., *Dev. Growth Differ.*, 2006)ので、4グループの F2 ネオブラストを単離し、ゲノムシーケンスを行う。無性 F1 株のゲノム情報をもとに、4グル

ープの F2 ネオブラストでの SNP/indel 解析で、上述の仮説を検証する。

7. 研究成果発表等の予定

現在のところ予定なし。

8. 備考

(注1) 記入例に沿って所属先機関名、部局名、職名、氏名を記載してください。

(注2) 研究会の場合は参加者リストを別紙(様式任意)として添付してください。

(注3) 共同利用研究分担者及び研究会参加者各位に、(注4)のとおり所属先機関名、部局名、職名、氏名が公開されることの下承を得てください。情報公開に関する承認が得られなかった場合、承認を得られなかった方の情報は報告書に記載しないようご注意ください。

(注4) 共同利用研究実施報告書は基礎生物学研究所のホームページ(<http://www.nibb.ac.jp/collabo/invite/invite.html>)に公開されます。公開できない内容は省略し、簡潔にご記入ください。

(注5) 1. ~ 4. の情報に誤りがあった場合、担当係にて修正の上、自然科学共同利用・共同研究統括システム(NOUS) (<https://www.nins.jp/site/nous/>)に再アップロードしますのでご了承ください。

基礎生物学研究所共同利用研究実施報告書（2021年度）

2022年 5月 31日

基礎生物学研究所長 殿

（報告者）

所属：大阪公立大学農学研究科

氏名：青木 考

下記のとおり実施しましたので報告します。

記

1. 種別（いずれかをチェック☑してください。）

- ☐ 新規モデル生物開発共同利用研究
- ☐ 個別共同利用研究
- ☒ 統合ゲノミクス共同利用研究
- ☐ 統合イメージング共同利用研究
- ☐ 大型スペクトログラフ共同利用実験
- ☐ 生物遺伝資源新規保存技術開発共同利用研究
- ☐ 研究会
- ☐ トレーニングコース実施

2. 研究課題名

茎寄生植物ネナシカズラの特定ゲノム領域の選択的取得

3. 課題番号（審査結果通知書及び申請書に記載しています。）

21-338

4. 所内対応者

氏名： 重信 秀治 教授

（次ページに続く）

5. 共同利用研究分担者 (注1)(注2)(注3)

・基礎生物学研究所・モデル植物研究支援室 助教 星野敦

6. 研究成果の概要及び今後の展望

本共同研究の当初計画は、茎寄生植物 *Cuscuta japonica* のゲル包埋片を作製し、極長鎖 DNA 自動抽出装置 SageScience SAGE HLS を用いて、ゲル内細胞消化、CRISPR-Cas9 による In vivo ゲノム切断、DNA サイズ分画と分取、という一連の工程を実施することであった。しかし、NIBB 対応側の重信教授、山口主任の「SAGE による断片取得は、他の生物でも効率的に働いていない。この方法にこだわらずに、長鎖 DNA の抽出と Cas9-Seq を組み合わせて、標的領域の DNA 配列取得を試みてはどうか」との助言を受け、Cas9-Seq をまず試してみることにした。

大阪府大の青木グループが *C. japonica* の茎サンプルを準備し、基生研生物機能情報分析室にて、長鎖 DNA の抽出を実施した。Genomic-Tip を用いるプロトコル、ならびに NucleoBond HMW DNA を用いるプロトコル、それぞれによる抽出を実施し、Sequom Gold agarose を用いた電気泳動により、DNA 長の評価を行なった。両プロトコル大きな差はなく、いずれも最長 150kb 程度の DNA 断片が取れることがわかった。

DNA 抽出と並行して、基生研生物機能情報分析室グループにより、ゲノムサイズ 10 数 M 程度の真核微生物で Cas9-Seq の実証試験が行われ、系としては十分動くことは確認できた。ただし標的領域からのリードは全体の 1%程であった。次のターゲットとして、アサガオ DNA を用いた第二段階の Cas9-Seq 実証試験が実施された（結果は未達）。

7. 研究成果発表等の予定

ゲノムサイズの大きい生物種で、特定のゲノム領域を選択的にキャプチャーすることには、様々なハードルがあることがわかった。この選択的キャプチャー技術の開発基盤として、*C. japonica* の全ゲノム解読がやはり必要に思われる。

そこで 2022 年度の新学術領域「先進ゲノム支援」第二期の公募研究に、*C. japonica* のロングリードシーケンサーによる全ゲノム解読を申請する予定である。

8. 備考

(注1) 記入例に沿って所属先機関名、部局名、職名、氏名を記載してください。

(注2) 研究会の場合は参加者リストを別紙(様式任意)として添付してください。

(注3) 共同利用研究分担者及び研究会参加者各位に、(注4)のとおり所属先機関名、部局名、職名、氏名が公開されることのできることを了承してください。情報公開に関する承認が得られなかった場合、承認を得られなかった方の情報は報告書に記載しないようご注意ください。

(注4) 共同利用研究実施報告書は基礎生物学研究所のホームページ(<http://www.nibb.ac.jp/collabo/invite/invite.html>)に公開されます。公開できない内容は省略し、簡潔にご記入ください。

(注5) 1. ~ 4. の情報に誤りがあった場合、担当係にて修正の上、自然科学共同利用・共同研究統

括システム(NOUS) (<https://www.nins.jp/site/nous/>)に再アップロードしますのでご了承ください。

2021 年 5 月 30 日

基礎生物學研究所長 殿

（報告者）

所属：ライフサイエンス統合データベースセンター

氏名：千葉啓和

下記のとおり実施しましたので報告します。

記

1. 種別（いずれかをチェック☑してください。）

- ☐ 新規モデル生物開発共同利用研究
- ☐ 個別共同利用研究
- ☒ 統合ゲノミクス共同利用研究
- ☐ 統合イメージング共同利用研究
- ☐ 大型スペクトログラフ共同利用実験
- ☐ 生物遺伝資源新規保存技術開発共同利用研究
- ☐ 研究会
- ☐ トレーニングコース実施

2. 研究課題名

真核生物ゲノムにおけるドメインレベルのオーソログ分類

3. 課題番号（審査結果通知書及び申請書に記載しています。）

21-339

4. 所内対応者

氏名：内山郁夫

（次ページに続く）

5. 共同利用研究分担者 (注1)(注2)(注3)

- ・
- ・
- ・
- ・

6. 研究成果の概要及び今後の展望

2021 年度中に基生研における打ち合わせを想定していたが、新型コロナウイルス感染症の影響もあり、実際には基生研での打ち合わせは実施しなかった。しかしながら、申請者と所内対応者とで作成してきたオーソログ検出プログラムの改良と利活用に関して、電子メールや web 会議で連絡をとりつつ議論をするとともに、プログラムを拡張して評価するという形で必要な作業を遂行した。具体的には、1) DomRefine プログラムの拡張と評価、2) ドメインネットワーク解析プログラムの作成である。2022 年度に引き続きこれらのプログラムを利用した解析の結果を出して発表したいと考えている。

1) オーソログクラスターに含まれる配列のマルチプルアラインメント上で計算される DSP(domain-specific sum-of-pairs) スコアを各配列ごとに算出することによってノイズと思われる配列を検出する手法について、計算と評価を行いその有効性を確認した。

2) ドメインレベルのオーソログクラスタリング結果に基づいて、ドメインネットワークを作成し、ネットワーク解析を行なった。過去に行われたネットワーク解析に関する先行研究についてもサーベイを行なった。多細胞の真核生物ではドメインネットワークが複雑であるというこれまで知られていた傾向と、我々の結果とを比較して考察した。

7. 研究成果発表等の予定

2021 年度には、研究成果の発表を行うことはできなかったが、2022 年度には研究成果を論文にまとめて発表する予定である。

8. 備考

(注1) 記入例に沿って所属先機関名、部局名、職名、氏名を記載してください。

(注2) 研究会の場合は参加者リストを別紙(様式任意)として添付してください。

(注3) 共同利用研究分担者及び研究会参加者各位に、(注4)のとおり所属先機関名、部局名、職名、氏名が公開されることのできることを了承してください。情報公開に関する承認が得られなかった場合、承認を得られなかった方の情報は報告書に記載しないようご注意ください。

(注4) 共同利用研究実施報告書は基礎生物学研究所のホームページ(<http://www.nibb.ac.jp/collabo/invite/invite.html>)に公開されます。公開できない内容は省略し、簡潔にご記入ください。

(注5) 1. ~ 4. の情報に誤りがあった場合、担当係にて修正の上、自然科学共同利用・共同研究統括システム(NOUS) (<https://www.nins.jp/site/nous/>)に再アップロードしますのでご了承ください。

基礎生物学研究所共同利用研究実施報告書（2021 年度）

令和 4 年 5 月 3 1 日

基礎生物学研究所長 殿

（報告者）

所属： 宇都宮大学工学部

氏名： 玉田 洋介

下記のとおり実施しましたので報告します。

記

1. 種別（いずれかをチェック☑してください。）

- ☐ 新規モデル生物開発共同利用研究
- ☐ 個別共同利用研究
- ☒ 統合ゲノミクス共同利用研究
- ☐ 統合イメージング共同利用研究
- ☐ 大型スペクトログラフ共同利用実験
- ☐ 生物遺伝資源新規保存技術開発共同利用研究
- ☐ 研究会
- ☐ トレーニングコース実施

2. 研究課題名

シングルセルトランスクリプトーム・エピゲノム解析による植物幹細胞化過程の細胞運命解析

3. 課題番号（審査結果通知書及び申請書に記載しています。）

21-340

4. 所内対応者

氏名：重信 秀治

（次ページに続く）

5. 共同利用研究分担者 (注1)(注2)(注3)

- ・宇都宮大学工学部 准教授 玉田洋介
- ・宇都宮大学工学部 日本学術振興会特別研究員 Gu, Nan

6. 研究成果の概要及び今後の展望

我々はコケ植物ヒメツリガネゴケの茎葉体に DNA 損傷を与えることで、分化した葉細胞に幹細胞化を誘導できることを発見した (Gu et al. 2020, *Nature Plants*)。しかしながら、いずれの場合でも幹細胞化が起きるのは一部の細胞のみであった。本研究では、幹細胞化する細胞としない細胞は本質的に何が異なるのかを解明するため、幹細胞化過程の植物を用いたシングルセルトランスクリプトームを行うことを目的とした。細胞が細胞壁に囲まれて単離できないヒメツリガネゴケ茎葉体のような植物組織を用いてシングルセルトランスクリプトーム解析を行うためには、細胞核の効率的な単離と単一細胞核 RNA-sequencing が必要不可欠である。本年度の共同研究によって、ヒメツリガネゴケ茎葉体から効率的に細胞核を抽出し、精製する手法を確立した。さらに、得られた細胞核を用いて単一細胞核シーケンシングのためのライブラリを調製した。

今後は、得られたライブラリのシーケンシングを行う。得られた結果から、幹細胞化する細胞としない細胞のトラジェクトリー解析を行い、幹細胞化する細胞としない細胞は何が異なるのかをトランスクリプトームの視点から解明する。また、幹細胞化にはゲノムワイドなクロマチン構造の再構成が必要であるが、それがいつ、どのように起きているのかを明らかにするためのエピゲノム解析にも着手したい。

7. 研究成果発表等の予定

上記令和3年度の共同利用研究の成果については、令和4年中の論文投稿を目指して共同研究が進行中である。

8. 備考

(注1) 記入例に沿って所属先機関名、部局名、職名、氏名を記載してください。

(注2) 研究会の場合は参加者リストを別紙(様式任意)として添付してください。

(注3) 共同利用研究分担者及び研究会参加者各位に、(注4)のとおり所属先機関名、部局名、職名、氏名が公開されることのできることを了承してください。情報公開に関する承認が得られなかった場合、承認が得られなかった方の情報は報告書に記載しないようご注意ください。

(注4) 共同利用研究実施報告書は基礎生物学研究所のホームページ (<http://www.nibb.ac.jp/collabo/invite/invite.html>) に公開されます。公開できない内容は省略し、簡潔にご記入ください。

(注5) 1. ~ 4. の情報に誤りがあった場合、担当係にて修正の上、自然科学共同利用・共同研究統括システム(NOUS) (<https://www.nins.jp/site/nous/>) に再アップロードしますのでご了承ください。

基礎生物學研究所長 殿

（報告者）

所属：愛媛大学大学院農学研究科

氏名：牧野 良輔

下記のとおり実施しましたので報告します。

記

1. 種別（いずれかをチェック☑してください。）

- ☐ 新規モデル生物開発共同利用研究
- ☐ 個別共同利用研究
- ☒ 統合ゲノミクス共同利用研究
- ☐ 統合イメージング共同利用研究
- ☐ 大型スペクトログラフ共同利用実験
- ☐ 生物遺伝資源新規保存技術開発共同利用研究
- ☐ 研究会
- ☐ トレーニングコース実施

2. 研究課題名

プロテオーム解析を用いた糖化反応制御によるニワトリ骨格筋増加メカニズムの解明

3. 課題番号（審査結果通知書及び申請書に記載しています。）

21-341

4. 所内対応者

氏名：重信 秀治 教授

（次ページに続く）

5. 共同利用研究分担者 (注1)(注2)(注3)

(記入例：自然大学大学院工学研究科 准教授 岡崎太郎)

- ・
- ・
- ・
- ・

6. 研究成果の概要及び今後の展望

年度初めに所内対応者と共に、研究計画を話し合った。その結果、本年度はニワトリ筋芽細胞のプロテオーム解析を実施する予定であった。

しかしながら、新型コロナウイルスに加え、鳥インフルエンザの発生によりサンプルの採取ならびに消耗品や機器類の入手が大幅に遅延したため、サンプルの調製が行えなかった。そのため、本年度は予定していたプロテオーム解析を実施することができなかった。

年度末になってようやく物品類が到着したため、今後サンプル調製等を進めて行きたいと考えている。

7. 研究成果発表等の予定

発表可能な成果等なし

8. 備考

(注1) 記入例に沿って所属先機関名、部局名、職名、氏名を記載してください。

(注2) 研究会の場合は参加者リストを別紙(様式任意)として添付してください。

(注3) 共同利用研究分担者及び研究会参加者各位に、(注4)のとおり所属先機関名、部局名、職名、氏名が公開されることのできることを了承してください。情報公開に関する承認が得られなかった場合、承認を得られなかった方の情報は報告書に記載しないようご注意ください。

(注4) 共同利用研究実施報告書は基礎生物学研究所のホームページ(<http://www.nibb.ac.jp/collabo/invite/invite.html>)に公開されます。公開できない内容は省略し、簡潔にご記入ください。

(注5) 1.～4.の情報に誤りがあった場合、担当係にて修正の上、自然科学共同利用・共同研究統括システム(NOUS)(<https://www.nins.jp/site/nous/>)に再アップロードしますのでご了承ください。

2022 年 5 月 12 日

基礎生物学研究所長 殿

（報告者）
所属：学習院大学
氏名：李允求

下記のとおり実施しましたので報告します。

記

1. 種別（いずれかをチェック☑してください。）

- ☐ 新規モデル生物開発共同利用研究
- ☐ 個別共同利用研究
- ☒ 統合ゲノミクス共同利用研究
- ☐ 統合イメージング共同利用研究
- ☐ 大型スペクトログラフ共同利用実験
- ☐ 生物遺伝資源新規保存技術開発共同利用研究
- ☐ 研究会
- ☐ トレーニングコース実施

2. 研究課題名

イチジクカサン *Trilocha varians* の W 染色体の配列決定

3. 課題番号（審査結果通知書及び申請書に記載しています。）

21-342

4. 所内対応者

氏名：重信秀治

（次ページに続く）

5. 共同利用研究分担者 (注1)(注2)(注3)

(記入例：自然大学大学院工学研究科 准教授 岡崎太郎)

・なし

6. 研究成果の概要及び今後の展望

イチジクカサン (*Trilocha varians*) の W 染色体配列の決定を行うため、イチジクカサンの雌個体より高分子ゲノム DNA を抽出し、Oxford Nanopore GridION を用いて配列決定をおこなった。総データ量約 20Gb (被覆度約 60) , リード N50 38-47 Kb のデータを取得した。現在、申請者が独自に取得した short read データと併せて、ゲノムアセンブリを行なっている。

また、当初予定には含まれていなかったが、クワコ (*Bombyx mandarina*) のゲノムアセンブリを改善するため、クワコ雄個体よりゲノム DNA を抽出し、HiC-seq をおこなった。その結果、相同染色体対の数 (27) と同数の intra-chromosome contact が確認され、染色体スケールのゲノムアセンブリを構築することができた。

7. 研究成果発表等の予定

クワコのゲノムアセンブリについては、イチジクカサンの雄ゲノムアセンブリとともに、今年度の早い時期に発表予定である。イチジクカサンの W 染色体配列については、アセンブリが完了次第、論文化の準備を進める。

8. 備考

(注1) 記入例に沿って所属先機関名、部局名、職名、氏名を記載してください。

(注2) 研究会の場合は参加者リストを別紙 (様式任意) として添付してください。

(注3) 共同利用研究分担者及び研究会参加者各位に、(注4) のとおり所属先機関名、部局名、職名、氏名が公開されることのできることを了承してください。情報公開に関する承認が得られなかった場合、承認を得られなかった方の情報は報告書に記載しないようご注意ください。

(注4) 共同利用研究実施報告書は基礎生物学研究所のホームページ (<http://www.nibb.ac.jp/collabo/invite/invite.html>) に公開されます。公開できない内容は省略し、簡潔にご記入ください。

(注5) 1. ~ 4. の情報に誤りがあった場合、担当係にて修正の上、自然科学共同利用・共同研究統括システム (NOUS) (<https://www.nins.jp/site/nous/>) に再アップロードしますのでご了承ください。

2022 年 4 月 30 日

基礎生物學研究所長 殿

（報告者）

所属：藤田医科大学医科学研究センター

氏名：嶋田誠

下記のとおり実施しましたので報告します。

記

1. 種別（いずれかをチェック☑してください。）

- ☐ 新規モデル生物開発共同利用研究
- ☐ 個別共同利用研究
- ☒ 統合ゲノミクス共同利用研究
- ☐ 統合イメージング共同利用研究
- ☐ 大型スペクトログラフ共同利用実験
- ☐ 生物遺伝資源新規保存技術開発共同利用研究
- ☐ 研究会
- ☐ トレーニングコース実施

2. 研究課題名

HapSTR 解析が明らかにする人類のポリグルタミン多様化

3. 課題番号（審査結果通知書及び申請書に記載しています。）

21-343

4. 所内対応者

氏名：重信秀治

（次ページに続く）

5. 共同利用研究分担者 (注1)(注2)(注3)

(記入例：自然大学大学院工学研究科 准教授 岡崎太郎)

・

6. 研究成果の概要及び今後の展望

本研究では、ポリグルタミンの反復数多型が人類進化の過程で多様化した座位が神経変性疾患のリスクになる一方で、個性の創出と分業社会構築にかかわった可能性を検証する。

今年度は、long PCR 産物を long-read sequencer により解析することで、進化速度が速く同祖性に着目した進化解析に不向きな STR 多型を、無限サイトモデルで進化解析に用いられる SNP haplotype 多型と組み合わせた、hapSTR 多型を検出する実験系を確立することに費やした。9つの領域についてそれぞれ 10kb 以内でプライマを設定して、個々に最適な 3 step PCR 条件を探索し、現在、アニーリング温度や Mg 濃度がそれぞれまちまちながらも、4つの領域にてほぼ安定的条件を見つけた。また、その他 3つの領域で再現性に不安定ながら標的バンドの増幅が確認された。さらに、すべての増幅領域において同一条件にて産物を得られる可能性を探るため、2 step touchdown PCR を試みている。今のところ、3 step 法で増幅困難な領域は、2 step touchdown でも成功していない。更なる試行錯誤を経ても状況が同じであれば、上述の 7 領域を中心に、ユーラシア、アフリカの人類集団、さらにチンパンジーにおいて hapSTR 多型を検出し、人類集団の移動に伴い、多型維持における選択圧の変化を推定したい。

コロナ禍の影響について、PCR できる研究補助員人材不足により、外国籍ポスドク雇用に至るも、短期で帰国。計画変更により遅延が生じた。

7. 研究成果発表等の予定

計画完了時点で国際学術誌へ投稿する予定である。

学会発表：

嶋田 誠、「類人猿には無いポリグルタミン病はヒト多様性進化のリスクなのか」、京都大学霊長類研究所共同利用研究会・第 50 回ホミニゼーション研究会 『人類進化と遺伝子』、2022 年 3 月 22 日・23 日、犬山、ハイブリッド/現地参加

嶋田 誠、「疾患責任反復配列の人類集団における維持と進化」、国立遺伝学研究所 斎藤成也教授退職記念シンポジウム、2022 年 3 月 5-6 日、三島、ハイブリッド/現地参加

嶋田 誠、「ポリグルタミン病は人類の個性が多様化してできた複雑な社会の副産物なのか」、新学術領域『出ユーラシアの統合的人類史学：文明創出メカニズムの解明』第 6 回全体会議『文明形成とコンフリクト』、2022 年 1 月 8 日・9 日、岡山、ハイブリッド/リモート参加

嶋田 誠、「集団動態とゲノム多様性」、新学術領域『出ユーラシアの統合的人類史学：文明創出メカニズムの解明』第 5 回全体会議『自己家畜化とゲノム変化による認知機能と社会の進化』、2021 年 7 月 18 日、オンライン開催

8. 備考

特になし

(注1) 記入例に沿って所属先機関名、部局名、職名、氏名を記載してください。

(注2) 研究会の場合は参加者リストを別紙(様式任意)として添付してください。

(注3) 共同利用研究分担者及び研究会参加者各位に、(注4)のとおり所属先機関名、部局名、職名、氏名が公開されることの下承を得てください。情報公開に関する承認が得られなかった場合、承認を得られなかった方の情報は報告書に記載しないようご注意ください。

(注4) 共同利用研究実施報告書は基礎生物学研究所のホームページ(<http://www.nibb.ac.jp/collabo/invite/invite.html>)に公開されます。公開できない内容は省略し、簡潔にご記入ください。

(注5) 1.～4.の情報に誤りがあった場合、担当係にて修正の上、自然科学共同利用・共同研究統括システム(NOUS) (<https://www.nins.jp/site/nous/>)に再アップロードしますのでご了承ください。

基礎生物学研究所共同利用研究実施報告書（2021年度）

2022年5月30日

基礎生物学研究所長 殿

（報告者）

所属： 国立遺伝学研究所

氏名： 川島 武士

下記のとおり実施しましたので報告します。

記

1. 種別（いずれかをチェック☑してください。）

- ☐ 新規モデル生物開発共同利用研究
- ☒ 個別共同利用研究
- ☐ 統合ゲノミクス共同利用研究
- ☐ 統合イメージング共同利用研究
- ☐ 大型スペクトログラフ共同利用実験
- ☐ 生物遺伝資源新規保存技術開発共同利用研究
- ☐ 研究会
- ☐ トレーニングコース実施

2. 研究課題名

コメ類のメタボローム解析

3. 課題番号（審査結果通知書及び申請書に記載しています。）

21-344

4. 所内対応者

氏名： 重信 秀治

（次ページに続く）

5. 共同利用研究分担者 (注1)(注2)(注3)

(記入例：自然大学大学院工学研究科 准教授 岡崎太郎)

- ・ 国立遺伝学研究所 教授 有田 正規
- ・ 国立遺伝学研究所 特任准教授 櫻井 望
- ・
- ・

6. 研究成果の概要及び今後の展望

本計画内では、日本人の主食の一つであるジャポニカ種のコメ (*Oryza sativa* subsp. japonica) とインディカ種のタイ米 (*Oryza sativa* subsp. indica) の天然化合物解析を目的として、玄米の LC/MS 解析を行った。所属研究室が理化学研究所と共同開発したメタボローム解析ツールである MS-DIAL を用い、得られた 2000 以上の解析ピークの成分同定を進めているところである。

7. 研究成果発表等の予定

コメ類について、種を超えた基本的な天然化合物成分と、種ごとに含有の有無が変化する天然化合物成分にどのようなものがあるかについて知見を得るべく、現在、米メタボロームデータの解析を進めており、解析結果に新規制がある場合は論文として発表したいと考えている。

8. 備考

コロナ禍のために実験予定が大きく遅れ、また研究代表者の所属変更も重なり、解析の進展は大幅に遅れてしまったが、現在も進行中である。

(注1) 記入例に沿って所属先機関名、部局名、職名、氏名を記載してください。

(注2) 研究会の場合は参加者リストを別紙(様式任意)として添付してください。

(注3) 共同利用研究分担者及び研究会参加者各位に、(注4)のとおり所属先機関名、部局名、職名、氏名が公開されることのできることを了承してください。情報公開に関する承認が得られなかった場合、承認を得られなかった方の情報は報告書に記載しないようご注意ください。

(注4) 共同利用研究実施報告書は基礎生物学研究所のホームページ (<http://www.nibb.ac.jp/collabo/invite/invite.html>) に公開されます。公開できない内容は省略し、簡潔にご記入ください。

(注5) 1. ~ 4. の情報に誤りがあった場合、担当係にて修正の上、自然科学共同利用・共同研究統括システム(NOUS) (<https://www.nins.jp/site/nous/>) に再アップロードしますのでご了承ください。

基礎生物學研究所共同利用研究実施報告書（令和３年度）

令和４年５月２６日

基礎生物學研究所長 殿

（報告者）

所属：愛知県農業総合試験場

氏名：松永 久恵

下記のとおり実施しましたので報告します。

記

1. 種別（いずれかをチェック☑してください。）

- ☐ 新規モデル生物開発共同利用研究
- ☐ 個別共同利用研究
- ☒ 統合ゲノミクス共同利用研究
- ☐ 統合イメージング共同利用研究
- ☐ 大型スペクトログラフ共同利用実験
- ☐ 生物遺伝資源新規保存技術開発共同利用研究
- ☐ 研究会
- ☐ トレーニングコース実施

2. 研究課題名

ブタの繁殖能力とDNA多型の相関における純粋種と交雑種の比較

3. 課題番号（審査結果通知書及び申請書に記載しています。）

21-345

4. 所内対応者

氏名：重信 秀治 教授

（次ページに続く）

5. 共同利用研究分担者 (注1)(注2)(注3)

(記入例：自然大学大学院工学研究科 准教授 岡崎太郎)

- ・愛知県農業総合試験場 養豚研究室 主任研究員 内倉 健造
- ・
- ・
- ・

6. 研究成果の概要及び今後の展望

ブタの繁殖繁殖能力に関わると考えられている3領域(ESR、PRLR、FSHb)の多型性と表現型に関する既報においては、遺伝子型の判定にPCR-RFLP法が用いられていた。本研究課題では、これら3領域を次世代シーケンサーにて解析することでPCR-RFLP法では判定できないDNA多型の検出を試みた。

当試験場で系統造成し維持している大ヨークシャー種(W)、ランドレース種(L)とこれらの雑種(WL、LW)93頭(W:28頭、L:24頭、WL:27頭、LW:14頭)の静脈血から抽出したDNAを用いて、Tailed PCR法によりライブラリ調整を行った。なお、ブタの種類ごとに調整したpooled DNAと各種類1頭由来のDNAについてそれぞれ3領域にインデックス付与しライブラリとした(24Indexes)。

新型コロナウイルス感染症拡大の影響により当初計画から実験開始時期がかなり遅れてしまい、現在鋭意解析中(1頭由来のDNAについては解析がほぼ完了しているがpooled-DNAについては解析方法も含め検討中)である。

配列決定後は、多型性と繁殖に関する表現型の相関を分析する。

7. 研究成果発表等の予定

成果が得られた場合は関連学会にて発表予定。

8. 備考

なし

(注1) 記入例に沿って所属先機関名、部局名、職名、氏名を記載してください。

(注2) 研究会の場合は参加者リストを別紙(様式任意)として添付してください。

(注3) 共同利用研究分担者及び研究会参加者各位に、(注4)のとおり所属先機関名、部局名、職名、氏名が公開されることのできることを了承してください。情報公開に関する承認が得られなかった場合、承認を得られなかった方の情報は報告書に記載しないようご注意ください。

(注4) 共同利用研究実施報告書は基礎生物学研究所のホームページ(<http://www.nibb.ac.jp/collabo/invite/invite.html>)に公開されます。公開できない内容は省略し、簡潔にご記入ください。

(注5) 1. ~ 4. の情報に誤りがあった場合、担当係にて修正の上、自然科学共同利用・共同研究統括システム(NOUS) (<https://www.nins.jp/site/nous/>)に再アップロードしますのでご了承ください。

2022 年 6 月 1 日

基礎生物學研究所長 殿

（報告者）

所属：基礎生物學研究所・生殖細胞研究
部門

氏名：吉田 松生

下記のとおり実施しましたので報告します。

記

1. 種別（いずれかをチェック☑してください。）

- ☐ 新規モデル生物開発共同利用研究
- ☐ 個別共同利用研究
- ☒ 統合ゲノミクス共同利用研究
- ☐ 統合イメージング共同利用研究
- ☐ 大型スペクトログラフ共同利用実験
- ☐ 生物遺伝資源新規保存技術開発共同利用研究
- ☐ 研究会
- ☐ トレーニングコース実施

2. 研究課題名

マウス生殖細胞の不均一性と系譜動態の網羅的解析

3. 課題番号（審査結果通知書及び申請書に記載しています。）

21-346

4. 所内対応者

氏名：重信 秀治

（次ページに続く）

5. 共同利用研究分担者 (注1)(注2)(注3)

(記入例：自然大学大学院工学研究科 准教授 岡崎太郎)

- ・基礎生物学研究所・生殖細胞研究部門 助教 中川俊徳
- ・基礎生物学研究所・生殖細胞研究部門 特任助教 鈴木伸之介
- ・基礎生物学研究所・生殖細胞研究部門 特別研究員 池田達郎
- ・

6. 研究成果の概要及び今後の展望

マウスの発生において、胎仔に生じた始生殖細胞 (PGCs) の子孫細胞 (クローン) がどのように成体の生殖細胞プールを形成するのかはいまだ不明である。発生過程のクローン動態を解析するために、PGCs を非常に多様な DNA 配列 (バーコード) で標識し、様々な段階でバーコードを Sequel により次世代シーケンスして、クローン分布の時間変化を解析している。2021 年度は昨年度に引き続き胎仔の生殖巣のバーコードを測定するとともに、1 年間にわたって産仔を取得した父親マウスの精巣バーコードも測定した。これにより精巣と産仔の由来クローンの関係を比較することができた。Sequel IIe の導入により得られるバーコードリードが約 8 倍に増えたため、十分な情報量で現象を評価できるようになっている。今後は不十分なデータを強化するとともにバーコードリード頻度と細胞頻度の関係を評価したい。

精子幹細胞は、生涯を通して精子形成を支える。我々は、マウス精子幹細胞は、複数の状態の間を転換しながらホメオスタシスを維持していることを見出しており、本研究では、パルス標識による細胞運命解析と単一細胞遺伝子発現解析を組み合わせ、精子幹細胞の動態とその制御機構を明らかにする。2021 年度は、前年度に引き続き、タモキシフェン依存的 Cre リコンビナーゼ (CRE-ER) システムを用いて精子幹細胞の中の複数の亜集団を GFP 発現によってパルス標識したのち、異なるタイミングで回収した未分化細胞分画から、10X Genomics 社 Chromium システムを用いて単一細胞 RNA ライブラリを調製し、解析した。しかし、10X Genomics 社 Chromium システムのみでは、パルス標識前の細胞で本来発現しない GFP 発現が確認された。そこで、10X Genomics 社 Chromium システムにより作成した cDNA ライブラリーの一部を Sequel により次世代シーケンスし、パルス標識した細胞を正確に把握した。今後は残りのサンプルでも同様の解析を行うことにより、より正確なパルス標識による細胞運命解析と単一細胞遺伝子発現解析を組み合わせ、精子幹細胞の動態とその制御機構を明らかにしていく。

7. 研究成果発表等の予定

発生期の研究については 2022 年度中に論文の執筆を開始して発表をめざす。

精子幹細胞の研究については、海外共同研究者 Ben Simons 博士と共同し、パルス標識された亜集団の集団レベルでの動態とその制御機構を明らかにするため、メールおよび Zoom によって緊密にコミュニケーションし、実験結果の解釈や実験へのフィードバックを得ながら研究を進め、論文の執筆を目指す。

8. 備考

(注1) 記入例に沿って所属先機関名、部局名、職名、氏名を記載してください。

(注2) 研究会の場合は参加者リストを別紙(様式任意)として添付してください。

(注3) 共同利用研究分担者及び研究会参加者各位に、(注4)のとおり所属先機関名、部局名、職名、氏名が公開されることので了承を得てください。情報公開に関する承認が得られなかった場合、承認を得られなかった方の情報は報告書に記載しないようご注意ください。

(注4) 共同利用研究実施報告書は基礎生物学研究所のホームページ(<http://www.nibb.ac.jp/collabo/invite/invite.html>)に公開されます。公開できない内容は省略し、簡潔にご記入ください。

(注5) 1.～4.の情報に誤りがあった場合、担当係にて修正の上、自然科学共同利用・共同研究統括システム(NOUS) (<https://www.nins.jp/site/nous/>)に再アップロードしますのでご了承ください。

2022 年 6 月 1 日

基礎生物學研究所長 殿

（報告者）

所属：基礎生物學研究所 細胞動態研究部門

氏名：上田 貴志

下記のとおり実施しましたので報告します。

記

1. 種別（いずれかをチェック☑してください。）

- ☐ 新規モデル生物開発共同利用研究
- ☐ 個別共同利用研究
- ☒ 統合ゲノミクス共同利用研究
- ☐ 統合イメージング共同利用研究
- ☐ 大型スペクトログラフ共同利用実験
- ☐ 生物遺伝資源新規保存技術開発共同利用研究
- ☐ 研究会
- ☐ トレーニングコース実施

2. 研究課題名

単一細胞核トランスクリプトーム解析によるゼニゴケ油体周期の実体解明

3. 課題番号（審査結果通知書及び申請書に記載しています。）

21-347

4. 所内対応者

氏名： 重信 秀治

（次ページに続く）

5. 共同利用研究分担者 (注1)(注2)(注3)

(記入例：自然大学大学院工学研究科 准教授 岡崎太郎)

- ・樋渡琢真 基礎生物学的研究所 細胞動態研究部門 特任研究員
- ・近藤洋平 基礎生物学的研究所 定量生物学研究部門 助教

6. 研究成果の概要及び今後の展望

新型コロナウイルス感染拡大の影響により細胞核単離に係る共同研究先との往来が困難となり、研究を計画通り実施することが出来なかった。引き続きゼニゴケ油体細胞の細胞核単離法の確立に向けた研究を継続しており、準備が整ったところで改めて共同利用研究の申請を検討している。

7. 研究成果発表等の予定

なし

8. 備考

(注1) 記入例に沿って所属先機関名、部局名、職名、氏名を記載してください。

(注2) 研究会の場合は参加者リストを別紙(様式任意)として添付してください。

(注3) 共同利用研究分担者及び研究会参加者各位に、(注4)のとおり所属先機関名、部局名、職名、氏名が公開されることのできることを得てください。情報公開に関する承認が得られなかった場合、承認を得られなかった方の情報は報告書に記載しないようご注意ください。

(注4) 共同利用研究実施報告書は基礎生物学的研究所のホームページ(<http://www.nibb.ac.jp/collabo/invite/invite.html>)に公開されます。公開できない内容は省略し、簡潔にご記入ください。

(注5) 1.～4.の情報に誤りがあった場合、担当係にて修正の上、自然科学共同利用・共同研究統括システム(NOUS) (<https://www.nins.jp/site/nous/>)に再アップロードしますのでご了承ください。

2022 年 6 月 20 日

基礎生物学研究所長 殿

（報告者）

所属：IST Austria

氏名：重本隆一

下記のとおり実施しましたので報告します。

記

1. 種別（いずれかをチェック☑してください。）

- ☐ 新規モデル生物開発共同利用研究
- ☐ 個別共同利用研究
- ☒ 統合ゲノミクス共同利用研究
- ☐ 統合イメージング共同利用研究
- ☐ 大型スペクトログラフ共同利用実験
- ☐ 生物遺伝資源新規保存技術開発共同利用研究
- ☐ 研究会
- ☐ トレーニングコース実施

2. 研究課題名

脳の左右を決定する遺伝子変異

3. 課題番号（審査結果通知書及び申請書に記載しています。）

21-348

4. 所内対応者

氏名： 重信秀治

（次ページに続く）

5. 共同利用研究分担者 (注1)(注2)(注3)

(記入例：自然大学大学院工学研究科 准教授 岡崎太郎)

- ・なし
- ・
- ・
- ・

6. 研究成果の概要及び今後の展望

我々は、マウスの海馬において入力側依存的な左右非対称性が存在することを発見し、さらに脳の両側が右のフェノタイプ、逆に両側が左のフェノタイプを示す変異マウスを発見した。一昨年度までの基生研共同利用研究によってこの左右のフェノタイプを決めるとされる遺伝子変異を同定したので、この変異を導入したノックインマウスを作成し、予想通りの右および左のフェノタイプを示すことを証明することを試みた。同定した遺伝子変異（右のフェノタイプを左のフェノタイプに変化させる）をCRISPR/cas9法を用いてC57BL6マウス受精卵に導入し産仔を得ることができ、得られた産仔の遺伝子解析で期待された変異を持つ個体が見つかったものの、周辺にoff targetとみられるInDel変異が存在するものばかりで、目的変異のみの個体はまだ得られていない。次年度は、conventionalな方法に戻って目的遺伝子変異のみが挿入されたマウスの作成を目指す。それが得られた場合は、左右入力CA3-CA1シナプスのサイズを測定することによって、左右のフェノタイプを確認し、できるだけ早く論文発表を行いたい。

7. 研究成果発表等の予定

まだ予定はなし

8. 備考

(注1) 記入例に沿って所属先機関名、部局名、職名、氏名を記載してください。

(注2) 研究会の場合は参加者リストを別紙（様式任意）として添付してください。

(注3) 共同利用研究分担者及び研究会参加者各位に、(注4)のとおり所属先機関名、部局名、職名、氏名が公開されることのできることを了承してください。情報公開に関する承認が得られなかった場合、承認を得られなかった方の情報は報告書に記載しないようご注意ください。

(注4) 共同利用研究実施報告書は基礎生物学研究所のホームページ (<http://www.nibb.ac.jp/collabo/invite/invite.html>) に公開されます。公開できない内容は省略し、簡潔にご記入ください。

(注5) 1. ～ 4. の情報に誤りがあった場合、担当係にて修正の上、自然科学共同利用・共同研究統括システム(NOUS) (<https://www.nins.jp/site/nous/>) に再アップロードしますのでご了承ください。

基礎生物学研究所長 殿

（報告者）

所属：鳥取大学医学部生命科学科機能形態学
発生生物学分野（現） / 東北大学大学院生命
科学研究科動物発生分野（旧）

氏名：阿部 玄武

下記のとおり実施しましたので報告します。

記

1. 種別（いずれかをチェック☑してください。）

- ☐ 新規モデル生物開発共同利用研究
- ☐ 個別共同利用研究
- ☒ 統合ゲノミクス共同利用研究
- ☐ 統合イメージング共同利用研究
- ☐ 大型スペクトログラフ共同利用実験
- ☐ 生物遺伝資源新規保存技術開発共同利用研究
- ☐ 研究会
- ☐ トレーニングコース実施

2. 研究課題名

真骨魚の胸ヒレ形態進化に関わる遺伝発生学情報の解析

3. 課題番号（審査結果通知書及び申請書に記載しています。）

21-349

4. 所内対応者

氏名：

重信 秀治 教授

（次ページに続く）

5. 共同利用研究分担者 (注1)(注2)(注3)

(記入例：自然大学大学院工学研究科 准教授 岡崎太郎)

無し

6. 研究成果の概要及び今後の展望

カナガシラという非モデル生物の棘型類魚種に関して、東北大にて、生体からの筋肉組織のサンプリング（ゲノム抽出用）および、カナガシラ胚組織からの RNA 抽出を行った。それらを基礎生物学研究所の所内対応者である重信秀治先生に送付し、そのサンプルを用いて、重信秀治先生と生物機能解析センター生物機能情報分析室のチームが、ゲノムライブラリ調整とシークエンス解析を行った。現在までに、ほぼトランスクリプトーム解析とゲノム解析が終了している。今後は引き続き解析を進め、de novo Assembleによりカナガシラのゲノム解読を進める予定である。

7. 研究成果発表等の予定

今年度の解析結果を加えて年度内の学会、および来年度には論文として発表したい。

8. 備考

(注1) 記入例に沿って所属先機関名、部局名、職名、氏名を記載してください。

(注2) 研究会の場合は参加者リストを別紙（様式任意）として添付してください。

(注3) 共同利用研究分担者及び研究会参加者各位に、(注4)のとおり所属先機関名、部局名、職名、氏名が公開されることのできることを了承してください。情報公開に関する承認が得られなかった場合、承認を得られなかった方の情報は報告書に記載しないようご注意ください。

(注4) 共同利用研究実施報告書は基礎生物学研究所のホームページ (<http://www.nibb.ac.jp/collabo/invite/invite.html>) に公開されます。公開できない内容は省略し、簡潔にご記入ください。

(注5) 1. ～ 4. の情報に誤りがあった場合、担当係にて修正の上、自然科学共同利用・共同研究統括システム(NOUS) (<https://www.nins.jp/site/nous/>) に再アップロードしますのでご了承ください。

2022 年 5 月 27 日

基礎生物學研究所長 殿

（報告者）

所属：東京大学大学院理学系研究科生物科学専攻

氏名：飯塚 怜

下記のとおり実施しましたので報告します。

記

1. 種別（いずれかをチェック☑してください。）

- ☐ 新規モデル生物開発共同利用研究
- ☐ 個別共同利用研究
- ☒ 統合ゲノミクス共同利用研究
- ☐ 統合イメージング共同利用研究
- ☐ 大型スペクトログラフ共同利用実験
- ☐ 生物遺伝資源新規保存技術開発共同利用研究
- ☐ 研究会
- ☐ トレーニングコース実施

2. 研究課題名

油中水滴の変形能を利用した微生物スクリーニングによる多糖類ゲル分解酵素遺伝子の取得

3. 課題番号（審査結果通知書及び申請書に記載しています。）

21-350

4. 所内対応者

氏名：重信 秀治 教授

（次ページに続く）

5. 共同利用研究分担者 (注1)(注2)(注3)

(記入例：自然大学大学院工学研究科 准教授 岡崎太郎)

- ・ 東京大学大学院薬学系研究科 薬学博士課程3年 牟田 幹悠
- ・
- ・
- ・

6. 研究成果の概要及び今後の展望

海水中よりアガロース分解菌をスクリーニングし、アガロース分解酵素遺伝子の取得を目指した。アガロースとともに、限外濾過により濃縮した表層および深海の海水を油中水滴に封入し、天井に2本のレールを配したマイクロ流路を用い、変形能が増大した油中水滴を分取した。油中水滴より回収した菌のゲノムを **Multiple displacement amplification** 法により増幅し、次世代シーケンサー (MiSeq) を用いてその配列を解読した。その結果、新たなアガロース分解酵素遺伝子を複数取得することに成功した。併せて、新規のセルラーゼ様遺伝子の同定にも成功した。

7. 研究成果発表等の予定

新たに見出したアガロース分解酵素遺伝子を組換え発現させ、その活性を確認する。得られた成果をまとめ、原著論文にて発表する。

8. 備考

(注1) 記入例に沿って所属先機関名、部局名、職名、氏名を記載してください。

(注2) 研究会の場合は参加者リストを別紙(様式任意)として添付してください。

(注3) 共同利用研究分担者及び研究会参加者各位に、(注4)のとおり所属先機関名、部局名、職名、氏名が公開されることので了承を得てください。情報公開に関する承認が得られなかった場合、承認を得られなかった方の情報は報告書に記載しないようご注意ください。

(注4) 共同利用研究実施報告書は基礎生物学研究所のホームページ (<http://www.nibb.ac.jp/collabo/invite/invite.html>) に公開されます。公開できない内容は省略し、簡潔にご記入ください。

(注5) 1. ～ 4. の情報に誤りがあった場合、担当係にて修正の上、自然科学共同利用・共同研究統括システム(NOUS) (<https://www.nins.jp/site/nous/>) に再アップロードしますのでご了承ください。

基礎生物学研究所長 殿

（報告者）

所属：基礎生物学研究所 植物環境応答研究部門

氏名：川本 望

下記のとおり実施しましたので報告します。

記

1. 種別（いずれかをチェック☑してください。）

- ☐ 新規モデル生物開発共同利用研究
- ☐ 個別共同利用研究
- ☒ 統合ゲノミクス共同利用研究
- ☐ 統合イメージング共同利用研究
- ☐ 大型スペクトログラフ共同利用実験
- ☐ 生物遺伝資源新規保存技術開発共同利用研究
- ☐ 研究会
- ☐ トレーニングコース実施

2. 研究課題名

高速シーケンス解析から解き明かす LZY1 による植物発生機構

3. 課題番号（審査結果通知書及び申請書に記載しています。）

21-351

4. 所内対応者

氏名： 重信 秀治 教授

5. 共同利用研究分担者

- ・ 基礎生物学研究所 植物環境応答研究部門 教授 森田（寺尾）美代
- ・
- ・
- ・

（次ページに続く）

6. 研究成果の概要及び今後の展望

植物の重力に対する応答を研究する過程で、*LAZY1-LIKE (LZY)*ファミリー遺伝子に着目し、研究を進めている。シロイヌナズナに存在する6種の*LZY*ファミリー遺伝子の多重変異体を作成する過程で、*lzy1 lzy4* 二重変異体を得ることができずにいた。この原因として、*lzy1* と *lzy4* の遺伝学的な相互作用が疑われた。この仮説を検証するために、これまで交配に用いていた T-DNA の挿入に伴う機能喪失変異体 *lzy1* と *lzy4-1* に加えて、ゲノム編集による新規 *lzy1* 変異体4アレル(*lzy1-2, lzy1-3, lzy1-4, lzy1-5*)および *lzy4* 変異体2アレル(*lzy4-4, lzy4-5*)を作成し、遺伝解析を行った。その結果、全ての *lzy1* 変異アレルと *lzy4-1* の交配では二重変異体を得ることができなかったが、*lzy4-4* および *lzy4-5* との交配では二重変異体を得ることができた。また、*lzy1*+/+ *lzy4-1* -/- を用いて交配を進めていたところ、*lzy1 lzy4-1* 二重変異体を得ることができた。この結果は *lzy4-1* に存在した未知の変異が交配により取り除かれた可能性を示唆している。これら結果は、*lzy4-1* の背後にある未知の変異が *lzy1* と遺伝学的な相互作用を生じた結果、何らかの発生異常が生じ、致死となること強く示唆している。

以上の結果に基づき、*lzy1* と相互作用する変異を同定することを目的に、Illumina HiSeqX Ten を用いて *lzy4-1* 変異体のゲノム再解析を行った。比較として、*lzy4-1* 背景の未知の変異が取り除かれたと考えられる系統を用いた。ゲノム上の一塩基多型(SNPs)の検索を行い複数の SNPs を同定することができた。しかし、遺伝子のコード領域やスプライシングに影響を与えるような SNPs は検出できなかった。次に、*lzy4-1* は T-DNA の挿入により作成された変異体であるため、*LZY4* 遺伝子座の他に T-DNA が挿入されている可能性を検討した。T-DNA の挿入位置を調べたところ、1 番染色体上の *LZY4* 遺伝子座の他に 5 番染色体上に T-DNA の挿入が検出された。この T-DNA は *lzy4-1* 変異を持つ全ての系統で検出されたことから、*lzy1* と相互作用する変異の原因とは考えられない。また、*LZY4* は 1 番染色体に座乗しており、*lzy4-1* は 3 回の戻し交配を行い *lzy4-1* とは無関係の変異を可能な限り取り除いている。これらのことから、*lzy4-1* 変異体では T-DNA の挿入に伴い、染色体の再編成が生じている可能性があることが判明した。ショットリード型の高速シーケンサーを用いた解析は染色体の構造変化の検出を苦手としていることから、今後はロングリード型の高速シーケンサーを用いて解析を行うことで、*lzy4-1* に存在する変異の検出を行い、*LZY1* による発生制御機構の解明につなげる。

7. 研究成果発表等の予定

本研究で得られた成果の一部に関して、日本植物学会あるいは日本植物生理学会での発表を予定している。

8. 備考

基礎生物学研究所長 殿

（報告者）

所属：東京大学大学院農学生命科学研究科

氏名：後藤 晋

下記のとおり実施しましたので報告します。

記

1. 種別（いずれかをチェック☑してください。）

- ☐ 新規モデル生物開発共同利用研究
- ☐ 個別共同利用研究
- ☒ 統合ゲノミクス共同利用研究
- ☐ 統合イメージング共同利用研究
- ☐ 大型スペクトログラフ共同利用実験
- ☐ 生物遺伝資源新規保存技術開発共同利用研究
- ☐ 研究会
- ☐ トレーニングコース実施

2. 研究課題名

局所適応のモデルとなりうるマツ科針葉樹トドマツ (*Abies sachalinensis*) のゲノム解読

3. 課題番号（審査結果通知書及び申請書に記載しています。）

21-352

4. 所内対応者

氏名：重信 秀治（教授）

5. 共同利用研究分担者（注1）（注2）（注3）

（記入例：自然大学大学院工学研究科 准教授 岡崎太郎）

- ・ 林木育種センター・森林総合研究所・北海道支所・ チーム長：北村系子
- ・ 北海道総合研究機構・林業試験場・主任研究員：石塚 航

6. 研究成果の概要及び今後の展望

2020 年度にサーベイシーケンスを行ったトドマツ高標高産 1 個体から開葉したてのサンプルから DNA を抽出し、Pac Bio Sequel IIe 解析用 HiFi ライブラリを調製し、シー

ケンスを実施した。その結果、表 1 の通り、高純度で十分な量の DNA を抽出できた。

表 1. 完成ライブラリ ID と濃度

完成 Library ID	220204_As_HF
完成ライブラリ 濃度	49.0 ng/μl
完成ライブラリ インサートサイズ	22,000 bp
ライブラリ液量	10 μl
ライブラリ量	490 ng

次に、ゲノム DNA の断片化を行った結果、5μg の単離ゲノム準備し、断片化後のサイズが 15kb-20 kb 付近になるよう、Megaruptor 3 System を用いて断片化した。断片化後、CHEF Mapper 電気泳動で断片化後のサイズを確認した。

7. 研究成果発表等の予定

現在、2x 程度のシーケンスが実施できた。今後、さらに、HiFi ロングリードシーケンスを実施し、十分なデータを得たうえで、重信教授と共同でドラフトゲノムを解読し、その成果を論文として成果公表する。また、RAD-seq によるゲノムワイド関連解析や RNA-seq による遺伝子発現解析を行い、どの程度、コンティグがマッピングされるかを確認する。

8. 備考

今後、さらにシーケンスを行い、トドマツのドラフトゲノム解読を完成に近づけたい。現在、科研費で申請中なので、その結果によってどこまでの解読が可能になるかが判明するので、その後に、またご相談させてほしい。

(注 1) 記入例に沿って所属先機関名、部局名、職名、氏名を記載してください。

(注 2) 研究会の場合は参加者リストを別紙（様式任意）として添付してください。

(注 3) 共同利用研究分担者及び研究会参加者各位に、(注 4) のとおり所属先機関名、部局名、職名、氏名が公開されることのできることを了承してください。情報公開に関する承認が得られなかった場合、承認を得られなかった方の情報は報告書に記載しないようご注意ください。

(注 4) 共同利用研究実施報告書は基礎生物学研究所のホームページ (<http://www.nibb.ac.jp/collabo/invite/invite.html>) に公開されます。公開できない内容は省略し、簡潔にご記入ください。

(注 5) 1. ～ 4. の情報に誤りがあった場合、担当係にて修正の上、自然科学共同利用・共同研究統括システム (NOUS) (<https://www.nins.jp/site/nous/>) に再アップロードしますのでご了承ください。

2022 年 5 月 30 日

基礎生物学研究所長 殿

（報告者）

所属：東京慈恵会医科大学・臨床医学研究所

氏名：森島 美絵子

下記のとおり実施しましたので報告します。

記

1. 種別（いずれかをチェック☑してください。）

- ☐ 新規モデル生物開発共同利用研究
- ☐ 個別共同利用研究
- ☒ 統合ゲノミクス共同利用研究
- ☐ 統合イメージング共同利用研究
- ☐ 大型スペクトログラフ共同利用実験
- ☐ 生物遺伝資源新規保存技術開発共同利用研究
- ☐ 研究会
- ☐ トレーニングコース実施

2. 研究課題名

Patch-seq を用いた大脳皮質抑制性サブタイプの機能解析

3. 課題番号（審査結果通知書及び申請書に記載しています。）

21-353

4. 所内対応者

氏名： 基礎生物学研究所 生物機能情報分析室 重信 秀治

（次ページに続く）

5. 共同利用研究分担者 (注1)(注2)(注3)

- ・名古屋大学大学院 創薬科学研究科 准教授 加藤 竜司
- ・東海大学 創造科学技術研究機構 講師 倉重 宏樹

6. 研究成果の概要及び今後の展望

大脳皮質内の神経回路は80%の興奮性細胞と20%の抑制細胞から構成されている。抑制性細胞の主要なサブタイプの一つであるソマトスタチン陽性細胞に着目し、**patch-seq**法による解析を行った。方法としてはソマトスタチン細胞が蛍光たんぱく質で標識されているトランスジェニックマウスから生きた大脳皮質標本を作製、蛍光標識された細胞から細胞内記録（パッチクランプ法）を行い、その後、陰圧をかけることによってサイトゾルを吸引してRNA回収した。その後**Smart-seq**法（Picelli et al., 2013）を用いてcDNAの精製まで行い（慈恵医大・森島 担当）、生物情報機能分析室にてcDNAのライブラリー化を行い、次世代シーケンサーによる解析（基生研・重信先生 担当）まで昨年度行った。今年度はさらに精度を上げるために再読み込みを行ない、解析を行った。細胞内記録時にはそれぞれの神経細胞がもつ独自の活動電位パターンを計測し、解析を慈恵医大、森島が担当する一方で、名大・加藤先生らも異なる方法で活動電位のパターン解析し、新たな分類法を開発した。この成果について化学工学会、バイオ部門で名大大学院生の久田拓海さんが「神経細胞1細胞機能解析のための発火電位パターン定量解析」のタイトルで発表を行った。次年度は、シーケンサーによる読み直しを行った細胞群と電気生理データを組み合わせた新たな解析法の確立と、**patch-seq**法によって得られる限られた神経細胞データを用いた解析法を発展させていきたい。

7. 研究成果発表等の予定

8. 備考

（注1） 記入例に沿って所属先機関名、部局名、職名、氏名を記載してください。

（注2） 研究会の場合は参加者リストを別紙（様式任意）として添付してください。

（注3） 共同利用研究分担者及び研究会参加者各位に、（注4）のとおり所属先機関名、部局名、職名、氏名が公開されることのできることを了承してください。情報公開に関する承認が得られなかった場合、承認を得られなかった方の情報は報告書に記載しないようご注意ください。

（注4） 共同利用研究実施報告書は基礎生物学研究所のホームページ（<http://www.nibb.ac.jp/collabo/invite/invite.html>）に公開されます。公開できない内容は省略し、簡潔にご記入ください。

（注5） 1. ～ 4. の情報に誤りがあった場合、担当係にて修正の上、自然科学共同利用・共同研究統括システム(NOUS)（<https://www.nins.jp/site/nous/>）に再アップロードしますのでご了承ください。

基礎生物学研究所共同利用研究実施報告書（2021 年度）

令和 4 年 5 月 1 3 日

基礎生物学研究所長 殿

（報告者）

所属：東京大学理学系研究科生物科学専攻

氏名：鈴木 郁夫

下記のとおり実施しましたので報告します。

記

1. 種別（いずれかをチェック☑してください。）

- ☐ 新規モデル生物開発共同利用研究
- ☐ 個別共同利用研究
- ☒ 統合ゲノミクス共同利用研究
- ☐ 統合イメージング共同利用研究
- ☐ 大型スペクトログラフ共同利用実験
- ☐ 生物遺伝資源新規保存技術開発共同利用研究
- ☐ 研究会
- ☐ トレーニングコース実施

2. 研究課題名

ヒト固有 NOTCH2NL 遺伝子による脳発達の揺らぎと脳進化方向性の研究

3. 課題番号（審査結果通知書及び申請書に記載しています。）

21-354

4. 所内対応者

氏名：重信秀治 教授

（次ページに続く）

5. 共同利用研究分担者 (注1)(注2)(注3)

(記入例：自然大学大学院工学研究科 准教授 岡崎太郎)

- ・
- ・
- ・
- ・

6. 研究成果の概要及び今後の展望

本統合ゲノミクス共同利用研究では、大脳皮質幹細胞において発現する NOTCH2NL 遺伝子のレパートリーを明らかにし、発生ステージ間や個体間、またはヒトと非ヒト類人猿の間におけるその保存性を解明し、レパートリーを構成する各パラログ・アイソフォームの機能的重要性の理解に繋げることを目的としている。そのために、ヒト ES 細胞及びチンパンジー iPS 細胞から分化誘導した神経幹細胞やニューロンに加え、複数のヒト胎児大脳皮質サンプルの全長トランスクリプトーム解析を PacBio Sequel II Iso-seq (もしくはより新しい機種) を使用して行うことを予定しており、サンプル調整およびヒトサンプルの配列解析を行うための研究倫理審査の申請を基礎生物学研究所において行った。倫理審査の承認を得ることができた時点でシーケンシング解析を開始する予定である。

7. 研究成果発表等の予定

申請者の研究室において NOTCH2NL 遺伝子の分子生物学的および細胞生物学的研究の結果を得ることができており、本統合ゲノミクス共同利用研究の結果とあわせて論文発表することを予定している。

8. 備考

(注1) 記入例に沿って所属先機関名、部局名、職名、氏名を記載してください。

(注2) 研究会の場合は参加者リストを別紙(様式任意)として添付してください。

(注3) 共同利用研究分担者及び研究会参加者各位に、(注4)のとおり所属先機関名、部局名、職名、氏名が公開されることのできることを了承してください。情報公開に関する承認が得られなかった場合、承認を得られなかった方の情報は報告書に記載しないようご注意ください。

(注4) 共同利用研究実施報告書は基礎生物学研究所のホームページ(<http://www.nibb.ac.jp/collabo/invite/invite.html>)に公開されます。公開できない内容は省略し、簡潔にご記入ください。

(注5) 1. ~ 4. の情報に誤りがあった場合、担当係にて修正の上、自然科学共同利用・共同研究統括システム(NOUS) (<https://www.nins.jp/site/nous/>)に再アップロードしますのでご了承ください。

2021 年 5 月 31 日

基礎生物学研究所長 殿

（報告者）

所属：名古屋大学 大学院理学研究科

氏名：石川由希

下記のとおり実施しましたので報告します。

記

1. 種別（いずれかをチェック☑してください。）

- ☐ 新規モデル生物開発共同利用研究
- ☐ 個別共同利用研究
- ☒ 統合ゲノミクス共同利用研究
- ☐ 統合イメージング共同利用研究
- ☐ 大型スペクトログラフ共同利用実験
- ☐ 生物遺伝資源新規保存技術開発共同利用研究
- ☐ 研究会
- ☐ トレーニングコース実施

2. 研究課題名

求愛歌選好性をコードする聴覚神経回路における種間トランスクリプトーム比較

3. 課題番号（審査結果通知書及び申請書に記載しています。）

21-355

4. 所内対応者

氏名：重信 秀治

（次ページに続く）

5. 共同利用研究分担者 (注1)(注2)(注3)

(記入例：自然大学大学院工学研究科 准教授 岡崎太郎)

・名古屋大学 大学院理学研究科 研究員 大橋拓朗

6. 研究成果の概要及び今後の展望

本研究は、キイロショウジョウバエとオナジショウジョウバエの求愛歌選好性をもたらす分子基盤を解明するために、シングルセルトランスクリプトーム解析を行った。これら2種は同所的に分布する姉妹種であり、それぞれ同種の求愛歌でより強く交尾受容性を上昇させる。このことから、求愛歌選好性をコードする神経回路は種間で分化していると考えられる。近年、私たちはオナジショウジョウバエの聴覚神経回路を構成する2次ニューロン AMMC-B1 を標識する系統の作成し、この求愛歌に対する応答性が種間で異なることを明らかにした (Ohashi in prep.)。そこで本研究では、AMMC-B1 のシングルセルトランスクリプトームを種間比較し、求愛歌選好性の種間差をもたらす分子機構を明らかにすることを目的とした。

本年度はまず、ライブラリ作成のための細胞乖離条件と、脳内に20~30個ほどしか存在しない AMMC-B1 を濃縮する条件の検討を行った。キイロショウジョウバエとオナジショウジョウバエにおいて、AMMC-B1 を含んだ少数細胞を標識する GAL4 系統と UAS-mCD8-GFP 系統をかけ合わせて得られた F1 の脳を顕微鏡下で解剖し、トリプシン、コラゲナーゼ、ディスパーゼ I 等で処理し、ニューロンが単離できる条件を決定した。さらに、セルソーター (ソニー、SH800) を用いて GFP 陽性細胞を濃縮する条件を決定した。次に、Chromium Single Cell 3' Reagent Kits v3.1 を用いたドロップレット RNAseq によりシングルセルライブラリを作成した。クオリティチェック基準を満たすライブラリが作成できたため、シークエンスを外注業者に依頼した。

今後トランスクリプトームデータが納品され次第、2種のデータを同一のトランスクリプトーム空間上に map し、種間で発現量や配列に差のある遺伝子を特定する。種間差のある遺伝子の中で、特に神経伝達物質の受容体やイオンチャネルなど、神経機能を持ちうるものに着目し、AMMC-B1 特異的なノックダウンを行い、求愛歌選好性への影響を観察することで、求愛歌選好性の種間差をもたらす分子基盤を明らかにする。

7. 研究成果発表等の予定

トランスクリプトーム解析の結果は国内外の学会 (日本進化学会など) で発表し、議論を深める。また、求愛歌選好性の種間差をもたらす分子基盤が明らかになった時点で、論文をまとめ、国際誌に投稿する予定である。

8. 備考

(注1) 記入例に沿って所属先機関名、部局名、職名、氏名を記載してください。

(注2) 研究会の場合は参加者リストを別紙 (様式任意) として添付してください。

(注3) 共同利用研究分担者及び研究会参加者各位に、(注4) のとおり所属先機関名、部局名、職名、

氏名が公開されることので了承を得てください。情報公開に関する承認が得られなかった場合、承認を得られなかった方の情報は報告書に記載しないようご注意ください。

(注4) 共同利用研究実施報告書は基礎生物学研究所のホームページ (<http://www.nibb.ac.jp/collabo/invite/invite.html>) に公開されます。公開できない内容は省略し、簡潔にご記入ください。

(注5) 1. ～ 4. の情報に誤りがあった場合、担当係にて修正の上、自然科学共同利用・共同研究統括システム(NOUS) (<https://www.nins.jp/site/nous/>) に再アップロードしますのでご了承ください。

2022 年 5 月 6 日

基礎生物學研究所長 殿

（報告者）

所属：東京工業大学生命理工学院

氏名：田中幹子

下記のとおり実施しましたので報告します。

記

1. 種別（いずれかをチェック☑してください。）

- ☐ 新規モデル生物開発共同利用研究
- ☒ 個別共同利用研究
- ☐ 統合ゲノミクス共同利用研究
- ☐ 統合イメージング共同利用研究
- ☐ 大型スペクトログラフ共同利用実験
- ☐ 生物遺伝資源新規保存技術開発共同利用研究
- ☐ 研究会
- ☐ トレーニングコース実施

2. 研究課題名

ニワトリ胚とエミュー胚の肢芽の single cell RNA シーケンス解析

3. 課題番号（審査結果通知書及び申請書に記載しています。）

21-357

4. 所内対応者

氏名：重信秀治

（次ページに続く）

5. 共同利用研究分担者 (注1)(注2)(注3)

- ・東京工業大学生命理工学院 博士課程1年 小野沙桃実
- ・
- ・
- ・

6. 研究成果の概要及び今後の展望

ニワトリ胚の枝芽の single nucleus RNA シーケンス (snRNAseq) と single cell RNA シーケンス (scRNAseq)、及び、エミュー胚の枝芽の scRNA シーケンスを実施した。重信先生のご助言に従い、10×Genomics Chromium のプラットフォームを利用して library を作成した。Quality check をしたところ、良質な cDNA ができていることが確認されたので、Illumina HiSeq でのシーケンスの外注を依頼した。その結果、ニワトリ胚の枝芽の snRNAseq については、9,680 細胞に関して、細胞あたりの平均リード数は 39,448 リード、細胞あたりの平均遺伝子数は 804 遺伝子、ニワトリ胚の枝芽の scRNAseq については、3,728 細胞に関して、細胞あたりの平均リード数は 102,793 リード、細胞あたりの平均遺伝子数は 586 遺伝子、さらに、エミュー胚の枝芽の scRNAseq については、7,928 細胞に関して、細胞あたりの平均リード数は 53,459、細胞あたりの平均遺伝子数は 2,264 遺伝子となった。これらの遺伝子には、目的としていた複数の遺伝子が十分量含まれていたことから、現在、得られたデータを元に解析をすすめている。

7. 研究成果発表等の予定

近日中に成果をまとめた論文を投稿する予定である。

8. 備考

(注1) 記入例に沿って所属先機関名、部局名、職名、氏名を記載してください。

(注2) 研究会の場合は参加者リストを別紙(様式任意)として添付してください。

(注3) 共同利用研究分担者及び研究会参加者各位に、(注4)のとおり所属先機関名、部局名、職名、氏名が公開されることのできることを了承してください。情報公開に関する承認が得られなかった場合、承認を得られなかった方の情報は報告書に記載しないようご注意ください。

(注4) 共同利用研究実施報告書は基礎生物学研究所のホームページ (<http://www.nibb.ac.jp/collabo/invite/invite.html>) に公開されます。公開できない内容は省略し、簡潔にご記入ください。

(注5) 1. ～ 4. の情報に誤りがあった場合、担当係にて修正の上、自然科学共同利用・共同研究統括システム(NOUS) (<https://www.nins.jp/site/nous/>) に再アップロードしますのでご了承ください。

基礎生物学研究所長 殿

（報告者）

所属：東京大学 大学院新領域創成科学研究科

氏名：石川 麻乃

下記のとおり実施しましたので報告します。

記

1. 種別（いずれかをチェック☑してください。）

- ☐ 新規モデル生物開発共同利用研究
- ☐ 個別共同利用研究
- ☒ 統合ゲノミクス共同利用研究
- ☐ 統合イメージング共同利用研究
- ☐ 大型スペクトログラフ共同利用実験
- ☐ 生物遺伝資源新規保存技術開発共同利用研究
- ☐ 研究会
- ☐ トレーニングコース実施

2. 研究課題名

トランスクリプトームのゆらぎがもたらす新規ニッチへの進出能力の解明に向けた遺伝基盤解析

3. 課題番号（審査結果通知書及び申請書に記載しています。）

21-358

4. 所内対応者

氏名：重信秀治

（次ページに続く）

5. 共同利用研究分担者 (注1) (注2) (注3)

(記入例：自然大学大学院工学研究科 准教授 岡崎太郎)

6. 研究成果の概要及び今後の展望

本研究では、生物の新規ニッチ進出の制約と方向性を生む機構として、表現型のゆらぎや方向性の違いに着目し、その分子の実態と新規ニッチ進出に果たす具体的な役割を解明することを目的とした。モデルとしたのは、淡水進出したトゲウオ科イトヨである。淡水域に進出した淡水型集団は、何度も繁殖期の日長応答性（ゆらぎ）を喪失することで、それぞれの淡水域に合わせた多様な繁殖期を獲得してきた。私の研究から、この日長応答性（ゆらぎ）の喪失に甲状腺刺激ホルモン *TSHB2* が中心的な役割を果たすことが明らかになってきた。祖先的な海型では、*TSHB2* が日長条件に依存して繁殖のオンオフを切り替えるスイッチとして機能する一方、淡水集団では、複数の集団で短日条件での *TSHB2* の高発現が失われ、早春や初冬にも繁殖できるようになっていた。では、繁殖の日長応答性に関わる多くの遺伝子の中で、なぜ、*TSHB2* が何度もその日長応答性（ゆらぎ）の喪失に中心的な役割を果たすのか？これを明らかにするためには、まず、繁殖の日長応答性に関わる *TSHB2* を含めた遺伝子制御ネットワークを同定することが必要である。これまでの研究から *TSHB2* は下垂体の中の非常に少数の細胞で発現していることが分かってきた。そこで、海型集団の日長応答前後での下垂体のシングルセルマルチオーム解析を行い、*TSHB2* を発現する細胞群の同定し、それらと共発現する上流下流の候補遺伝子を同定した。解析の結果、下垂体細胞は16個の細胞クラスターに分けられた。それぞれのクラスターでは、Somatolactin、Growth hormone、Proractin などホルモン関連遺伝子が発現しており、下垂体細胞はホルモン産生細胞ごとにクラスターを形成することが明らかになった。*TSHB2* は *TSHB2* 産生細胞と同定されたクラスターの一部のサブクラスターで発現していた。またそれらの中で *TSHB2* は短日条件で高く、長日条件で低く発現しており、これは私たちのこれまでの研究結果と一致する。さらに、*TSHB2* の上流配列のクロマチンアクセシビリティを見ると、短日条件でアクセシビリティが上昇していた。また、*TSHB2* を発現するサブクラスターでは、概日リズムや光受容体関連遺伝子を含む21個の遺伝子が特異的に発現していた。今後は、これらの遺伝子や *TSHB2* の上流配列をゲノム編集で改変し、それぞれの機能や遺伝子発現に与える影響を解析することで、繁殖の日長応答性に関わる遺伝子制御ネットワークを解明する。さらに、同様の解析を淡水集団で行い、日長応答性の喪失を引き起こした遺伝子制御ネットワークの改変機構を明らかにする。

7. 研究成果発表等の予定

石川 麻乃「網羅的発現解析とゲノム編集から見た季節性繁殖の収斂進化を担う鍵遺伝子とその進化」2022年度日本魚類学会、年会シンポジウム「ゲノムが拓く魚類表現型多様性研究の新展開：分野横断的自然史研究と今後の展望」、2022年09月20日、大阪

石川 麻乃「ゲノム編集から多機能性遺伝子が持つ間接効果を検証する」第 70 回日本生態学会 (in Japanese)、自由集会「間接効果を通してみる世界 (5) : 間接効果はどこまでも」(企画者)、2023 年 03 月 19 日、オンライン

Liu L, Ishikawa A. Single cell Multiome reveals genetic mechanism of reproductive seasonality in sticklebacks. ESJ70, Oral presentation, PR0118, March 17-21 2023, Online.

Liu L, Ishikawa A. Single cell Multiome reveals genetic mechanism of reproductive seasonality in sticklebacks. ESJ70, Oral presentation, PR0118, March 17-21 2023, Online.

8. 備考

(注 1) 記入例に沿って所属先機関名、部局名、職名、氏名を記載してください。

(注 2) 研究会の場合は参加者リストを別紙(様式任意)として添付してください。

(注 3) 共同利用研究分担者及び研究会参加者各位に、(注 4) のとおり所属先機関名、部局名、職名、氏名が公開されることの下承を得てください。情報公開に関する承認が得られなかった場合、承認を得られなかった方の情報は報告書に記載しないようご注意ください。

(注 4) 共同利用研究実施報告書は基礎生物学研究所のホームページ (<http://www.nibb.ac.jp/collabo/invite/invite.html>) に公開されます。公開できない内容は省略し、簡潔にご記入ください。

(注 5) 1. ~ 4. の情報に誤りがあった場合、担当係にて修正の上、自然科学共同利用・共同研究統括システム(NOUS) (<https://www.nins.jp/site/nous/>) に再アップロードしますのでご了承ください。

統合イメージング共同利用研究

- 21-401 アフリカツメガエルの四肢再生の研究に対する IR-LEGO の適用
横山 仁 弘前大学農学生命科学部
- 21-402 精神疾患モデル動物の脳中間表現型解析
佐々木 哲也 筑波大学医学医療系
- 21-403 発達初期の小胞子の表面に現れる多糖モジュールの構造解析
石黒 澄衛 名古屋大学大学院生命農学研究科
- 21-404 Single-cell labeling to trace single neuronal precursors in zebrafish embryonic brain
KUAN Yung-Shu National Taiwan UniversityInst. of Biochemical Sciences
- 21-405 IR-LEGO 法を用いたオオミジンコにおける細胞特異的な遺伝子発現誘導システムの開発と応用
加藤 泰彦 大阪大学大学院工学研究科
- 21-406 イモリ変異体の骨パターン解析
竹内 隆 鳥取大学医学部
- 21-407 コンピューター断層撮影法によるネッタイツメガエル近交系の 3D 表現型解析
鈴木 誠 広島大学両生類研究センター
- 21-408 細胞形状から解明する原生生物の行動様式
西上 幸範 北海道大学電子科学研究所
- 21-409 始原新口動物のボディプランに関する研究
美濃川 拓哉 東北大学大学院生命科学研究科附属浅虫海洋生物学教育研究センター
- 21-410 IR-LEGO を用いたヒメツリガネゴケ光細胞操作と温度センサータンパク質を用いた生細胞温度計測
玉田 洋介 宇都宮大学工学部

- 21-411 メキシコサラマンダー皮膚におけるコラーゲン繊維の一線維レベルのイメージング技術の確立とコラーゲンの立体構築プロセスの解明
佐藤 伸 岡山大学異分野融合先端研究コア
- 21-412 マウス胚ノード細胞および繊毛の動態観察
加藤 孝信 理化学研究所生命機能科学研究センター
- 21-413 遺伝子発現レポーターアッセイ多検体・並列解析系の構築：時間的解像度と多点観察のバランスが取れたレポーター系の確立
佐藤 昌直 北海道大学大学院農学研究院
- 21-414 3D 細胞系譜ライブイメージングから形態形成のロバストネスのメカニズムに迫る
近藤 晶子 帝京大学戦略的イノベーション研究センター
- 21-415 脳血管系の形態形成メカニズムの解明
木村 英二 岩手医科大学解剖学講座・人体発生学分野
- 21-416 脳室壁に病巣を有するマウス脳組織における活性化ミクログリアの空間分布解析
成田 啓之 山梨大学医学部
- 21-417 新規二次代謝産物処理後の原核細胞微細構造の TEM 観察
中鉢 淳 豊橋技術科学大学エレクトロニクス先端融合研究所
- 21-418 T1R3 Tg メダカを用いた味覚感知スクリーニングシステムの構築
堤 理恵 徳島大学医学部
- 21-419 二枚貝類の循環機能の解析
瀬尾 芳輝 愛知学泉大学家政学部
- 21-420 ライトシート顕微鏡によるヌタウナギ前脳の立体構造の解明
鈴木 大地 筑波大学生命環境系

- 21-421 ライトシート顕微鏡による透明化した子宮内の胚の観察
藤森 俊彦 基礎生物学研究所初期発生研究部門
- 21-422 浮遊上皮細胞の集合、球形化における α カテニンの張力感受性の意義の解明
米村 重信 徳島大学大学院医歯薬学研究部
- 21-423 唾液腺細胞の Cdc42 依存性恒常性維持機構に着目した、新規放射線防御機構の解明
設楽 彰子 朝日大学歯学部
- 21-424 クマムシ類の感覚器官の機能阻害実験
藤本 心太 東北大学大学院生命科学研究科附属浅虫海洋生物学教育研究センタ

ー

基礎生物学研究所共同利用研究実施報告書（2021年度）

2022年5月28日

基礎生物学研究所長 殿

（報告者）

所属：弘前大学農学生命科学部

氏名：横山仁

下記のとおり実施しましたので報告します。

記

1. 種別（いずれかをチェック☑してください。）

- ☐ 新規モデル生物開発共同利用研究
- ☐ 個別共同利用研究
- ☐ 統合ゲノミクス共同利用研究
- ☒ 統合イメージング共同利用研究
- ☐ 大型スペクトログラフ共同利用実験
- ☐ 生物遺伝資源新規保存技術開発共同利用研究
- ☐ 研究会
- ☐ トレーニングコース実施

2. 研究課題名

アフリカツメガエルの四肢再生の研究に対する IR-LEGO の適用

3. 課題番号（審査結果通知書及び申請書に記載しています。）

21-401

4. 所内対応者

氏名： 亀井保博

（次ページに続く）

5. 共同利用研究分担者 (注1)(注2)(注3)

(記入例：自然大学大学院工学研究科 准教授 岡崎太郎)

- ・基礎生物学研究所 特任助教 坂本丞
- ・弘前大学大学院農学生命科学研究科 大学院生 小西歩実
- ・弘前大学大学院農学生命科学研究科 大学院生 横山響
- ・弘前大学大学院農学生命科学研究科 大学院生 奈良咲
- ・弘前大学農学生命科学部 学部学生 菊池大雅
- ・弘前大学農学生命科学部 学部学生 佐々木治斗
- ・弘前大学農学生命科学部 学部学生 樋口 晃尋

6. 研究成果の概要及び今後の展望

これまでの研究で GFP 標識した *shh* を局所的な熱ショックにより四肢の特定の領域で発現させる実験を行い、GFP 蛍光の適切なイメージングにより発現の強さを定量的に比較できるようにした。これにより適切な発現量で *shh* を発現する Tg ツメガエルの系統を選抜できるようになった。加えて再生芽特異的に遺伝子 (GFP) を発現誘導したり、*shh* の四肢特異的な遠位エンハンサーの活性化を可視化した Tg ツメガエルの肢芽における GFP レポーターの分布を蛍光イメージングから確認した。今後は最適な系統の個体で局所的な発現誘導を行うことで、再生能力の低下したツメガエルの四肢に、より完全な四肢を再生させることを目指す。また *shh* の発現誘導と並行して再生能力の低下したツメガエルの四肢の再生芽で過剰な軟骨分化が起きていることを、軟骨マーカーの蛍光免疫染色とイメージングを組み合わせることで検証した。さらに IR-LEGO による発現誘導の条件の最適化のために、温度変化によって色が変わる色素 (サーマルカラー) を利用して、赤外レーザー照射によるサンプルの温度変化の検出を前年度までに行っていたが、より波長の短いレーザーでも温度変化を起こせることをサーマルカラーを用いて確認した。今後は電動ステージと組み合わせて正確な範囲での発現誘導を実現するなどの実験を行う。なお今年度はコロナ感染防止等のため来訪せずにオンライン会議 (2 か月に 1 回程度) でデータ等の議論を行い、研究を進めた。

7. 研究成果発表等の予定

再生芽特異的な遺伝子発現の誘導方法について、査読のある国際誌への論文発表を予定している。

8. 備考

本研究の成果に関連した招待講演を以下のように行った。

- ・2021年8月25日 第3回再生学異分野融合研究会

器官再生を実現する手がかりを *Xenopus* から探る -四肢を再生し、大きな皮膚創傷を再生するメカニズムは?- 演者 横山仁

- ・2022年2月22日 国際ワークショップ Workshop for Agriculture and Life Science Study in Hirosaki University 2022 (オンライン)

演題「Transgenic *Xenopus laevis* with a long-range enhancer of *sonic hedgehog* (*shh*)

gene outlines the competence to express shh in limb regeneration」 演者 Hitoshi Yokoyama

(注1) 記入例に沿って所属先機関名、部局名、職名、氏名を記載してください。

(注2) 研究会の場合は参加者リストを別紙(様式任意)として添付してください。

(注3) 共同利用研究分担者及び研究会参加者各位に、(注4)のとおり所属先機関名、部局名、職名、氏名が公開されることので了承を得てください。情報公開に関する承認が得られなかった場合、承認を得られなかった方の情報は報告書に記載しないようご注意ください。

(注4) 共同利用研究実施報告書は基礎生物学研究所のホームページ(<http://www.nibb.ac.jp/collabo/invite/invite.html>)に公開されます。公開できない内容は省略し、簡潔にご記入ください。

(注5) 1.～4.の情報に誤りがあった場合、担当係にて修正の上、自然科学共同利用・共同研究統括システム(NOUS) (<https://www.nins.jp/site/nous/>)に再アップロードしますのでご了承ください。

2022 年 4 月 1 日

基礎生物學研究所長 殿

（報告者）

所属：筑波大学 医学医療系

氏名：佐々木 哲也

下記のとおり実施しましたので報告します。

記

1. 種別（いずれかをチェック☑してください。）

- ☐ 新規モデル生物開発共同利用研究
- ☐ 個別共同利用研究
- ☐ 統合ゲノミクス共同利用研究
- ☒ 統合イメージング共同利用研究
- ☐ 大型スペクトログラフ共同利用実験
- ☐ 生物遺伝資源新規保存技術開発共同利用研究
- ☐ 研究会
- ☐ トレーニングコース実施

2. 研究課題名

精神疾患モデル動物の脳中間表現型解析

3. 課題番号（審査結果通知書及び申請書に記載しています。）

21-402

4. 所内対応者

氏名：亀井 保博 准教授

（次ページに続く）

5. 共同利用研究分担者 (注1)(注2)(注3)

(記入例：自然大学大学院工学研究科 准教授 岡崎太郎)

- ・
- ・
- ・
- ・

6. 研究成果の概要及び今後の展望

新規自閉症モデルマウス RORgt Tg マウスの解析を継続した。本 Tg マウスにおいて、血清中 IL-17A の恒常的過剰状態の中樞神経系への影響を解析し、ミクログリア形態の顕著な変化(細胞体と突起の退縮)を見出した。一方で、海馬のシナプスタンパクの量には明確な変化が認められなかった。これらの結果をまとめ学会発表と論文発表を行った(Sasaki et al., 2021. Neuropsychopharmacology Rep; Sasaki et al., 2021. Jap J Biol Psych.)。本モデルマウスの大脳皮質の錐体細胞形態形成の異常の解析を進めている。

7. 研究成果発表等の予定

Tetsuya Sasaki, Yosuke Takei. Constitutive increase of IL-17A in serum affects microglial activity in the hippocampal dentate gyrus. Jap J Biol Psych. 2021. 32(2) 154-160.

Aki Takahashi, Hossein Aleyasin, Mihaela A Stavarache, Long Li, Flurin Cathomas, Lyonna F. Parise, Hsiao-yun Lin, C. Joseph Burnett, Meghan E. Flanigan, Anna Brancato, Caroline Menard, Madeline L. Pfau, Veronika Kana, Jun Wang, Georgia E. Hodes, **Tetsuya Sasaki**, Michael G Kaplitt, Sonoko Ogawa, Bruce S. McEwen and Scott J. Russo. “Neuromodulatory effect of interleukin 1 in the dorsal raphe nucleus on individual differences in aggression” *Molecular Psychiatry*. Epub ahead of print.

8. 備考

(注1) 記入例に沿って所属先機関名、部局名、職名、氏名を記載してください。

(注2) 研究会の場合は参加者リストを別紙(様式任意)として添付してください。

(注3) 共同利用研究分担者及び研究会参加者各位に、(注4)のとおり所属先機関名、部局名、職名、氏名が公開されることのできることを了承してください。情報公開に関する承認が得られなかった場合、承認を得られなかった方の情報は報告書に記載しないようご注意ください。

(注4) 共同利用研究実施報告書は基礎生物学研究所のホームページ(<http://www.nibb.ac.jp/collabo/invite/invite.html>)に公開されます。公開できない内容は省略し、簡潔にご記入ください。

(注5) 1. ~ 4. の情報に誤りがあった場合、担当係にて修正の上、自然科学共同利用・共同研究統括システム(NOUS) (<https://www.nins.jp/site/nous/>)に再アップロードしますのでご了承ください。

2022 年 5 月 30 日

基礎生物学研究所長 殿

（報告者）

所属：名古屋大学大学院生命農学研究科

氏名：石黒澄衛

下記のとおり実施しましたので報告します。

記

1. 種別（いずれかをチェック☑してください。）

- ☐ 新規モデル生物開発共同利用研究
- ☐ 個別共同利用研究
- ☐ 統合ゲノミクス共同利用研究
- ☒ 統合イメージング共同利用研究
- ☐ 大型スペクトログラフ共同利用実験
- ☐ 生物遺伝資源新規保存技術開発共同利用研究
- ☐ 研究会
- ☐ トレーニングコース実施

2. 研究課題名

発達初期の小胞子の表面に現れる多糖モジュールの構造解析

3. 課題番号（審査結果通知書及び申請書に記載しています。）

21-403

4. 所内対応者

氏名：亀井保博

（次ページに続く）

5. 共同利用研究分担者 (注1)(注2)(注3)

(記入例：自然大学大学院工学研究科 准教授 岡崎太郎)

- ・基礎生物学研究所 技術職員 近藤真紀
- ・
- ・
- ・

6. 研究成果の概要及び今後の展望

花粉の表面はエキシンと呼ばれる立体構造で覆われている。この構造は植物種特異的かつ極めて多様であり、遺伝情報がどのような仕組みで形態に反映されるのか興味深い。本年度はユリの花粉を材料に用いて解析を行うこととした。新型コロナウイルスの影響により共同利用研究は1回しか実施できなかったが、基生研・光学解析室の近藤真紀氏の援助で減数分裂直後の花粉の表面を電子顕微鏡で観察し、エキシンの層構造の有無やエキシンの周囲にある多糖と思われる構造を明瞭に観察することができた。発達段階を追った構造の変化の観察や、各構造を構成する物質の同定には至らなかったため、今後継続して研究を進めていきたい。

7. 研究成果発表等の予定

2022 年度以降に発表予定

8. 備考

(注1) 記入例に沿って所属先機関名、部局名、職名、氏名を記載してください。

(注2) 研究会の場合は参加者リストを別紙(様式任意)として添付してください。

(注3) 共同利用研究分担者及び研究会参加者各位に、(注4)のとおり所属先機関名、部局名、職名、氏名が公開されることのできることを了承してください。情報公開に関する承認が得られなかった場合、承認を得られなかった方の情報は報告書に記載しないようご注意ください。

(注4) 共同利用研究実施報告書は基礎生物学研究所のホームページ(<http://www.nibb.ac.jp/collabo/invite/invite.html>)に公開されます。公開できない内容は省略し、簡潔にご記入ください。

(注5) 1. ～ 4. の情報に誤りがあった場合、担当係にて修正の上、自然科学共同利用・共同研究統括システム(NOUS) (<https://www.nins.jp/site/nous/>)に再アップロードしますのでご了承ください。

基礎生物學研究所長 殿

（報告者）

所属：Inst. of Biochemical Sciences,
National Taiwan University

氏名：Yung-Shu Kuan

下記のとおり実施しましたので報告します。

記

1. 種別（いずれかをチェック☑してください。）

- ☐ 新規モデル生物開発共同利用研究
- ☒ 個別共同利用研究
- ☐ 統合ゲノミクス共同利用研究
- ☐ 統合イメージング共同利用研究
- ☐ 大型スペクトログラフ共同利用実験
- ☐ 生物遺伝資源新規保存技術開発共同利用研究
- ☐ 研究会
- ☐ トレーニングコース実施

2. 研究課題名

To utilize the IR-LEGO cell labeling system to trace single neuronal precursor in zebrafish embryonic brain

3. 課題番号（審査結果通知書及び申請書に記載しています。）

21-404

4. 所内対応者

氏名： Dr. Yasuhiro Kamei

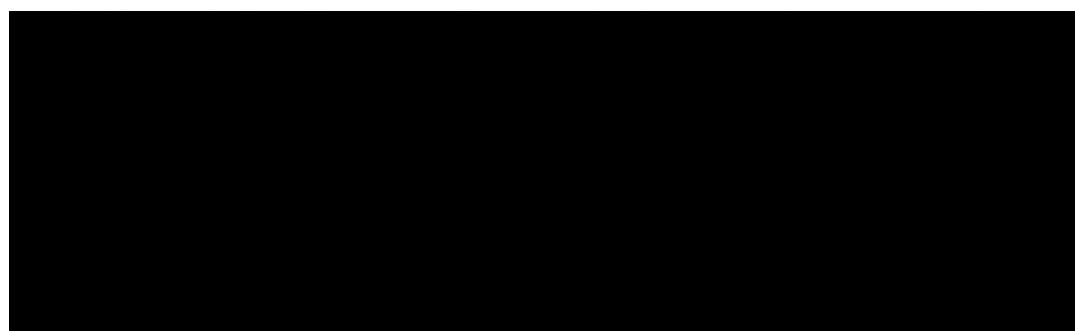
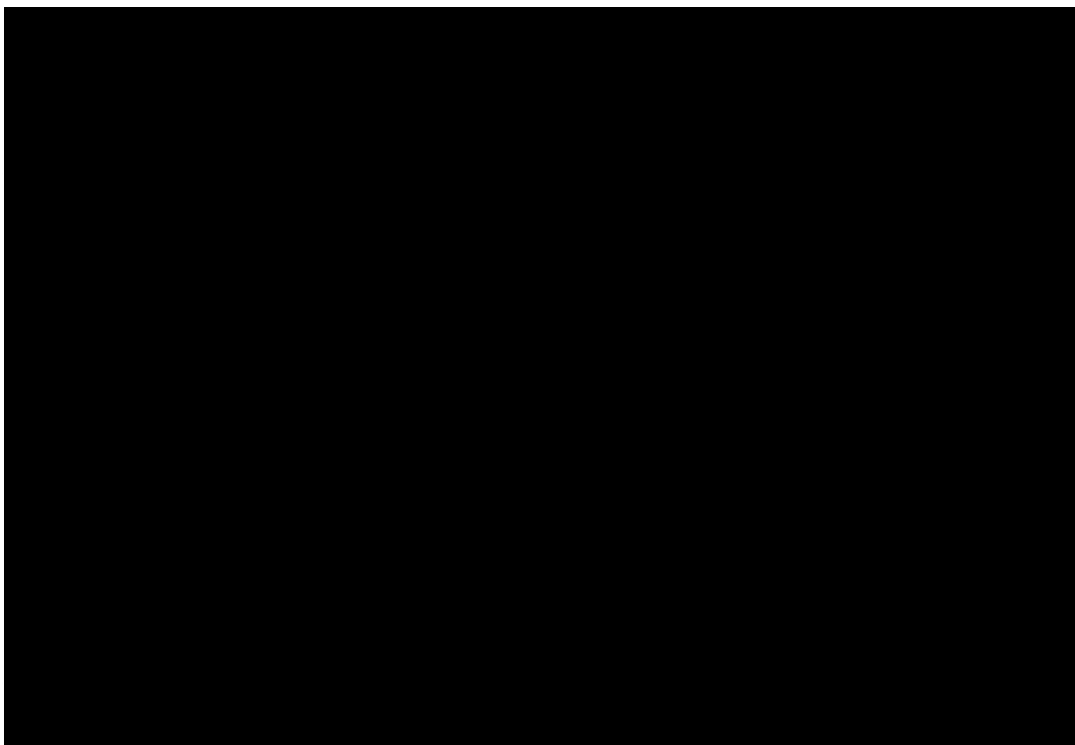
（次ページに続く）

5. 共同利用研究分担者 (注1)(注2)(注3)

(記入例：自然大学大学院工学研究科 准教授 岡崎太郎)

- Dr. Yasuhiro Kamei

6. 研究成果の概要及び今後の展望



7. 研究成果発表等の予定

We are finishing this paper at this moment (7 figures, 7 supplementary figures, 6 supplementary tables). Hopefully we can submit it out in the coming summer.

8. 備考

(注1) 記入例に沿って所属先機関名、部局名、職名、氏名を記載してください。

(注2) 研究会の場合は参加者リストを別紙(様式任意)として添付してください。

(注3) 共同利用研究分担者及び研究会参加者各位に、(注4)のとおり所属先機関名、部局名、職名、氏名が公開されることので了承を得てください。情報公開に関する承認が得られなかった場合、承認を得られなかった方の情報は報告書に記載しないようご注意ください。

(注4) 共同利用研究実施報告書は基礎生物学研究所のホームページ(<http://www.nibb.ac.jp/collabo/invite/invite.html>)に公開されます。公開できない内容は省略し、簡潔にご記入ください。

(注5) 1.～4.の情報に誤りがあった場合、担当係にて修正の上、自然科学共同利用・共同研究統括システム(NOUS) (<https://www.nins.jp/site/nous/>)に再アップロードしますのでご了承ください。

2022 年 5 月 31 日

基礎生物学研究所長 殿

（報告者）

所属：大阪大学大学院工学研究科

氏名：加藤泰彦

下記のとおり実施しましたので報告します。

記

1. 種別（いずれかをチェック☑してください。）

- ☐ 新規モデル生物開発共同利用研究
- ☐ 個別共同利用研究
- ☐ 統合ゲノミクス共同利用研究
- ☒ 統合イメージング共同利用研究
- ☐ 大型スペクトログラフ共同利用実験
- ☐ 生物遺伝資源新規保存技術開発共同利用研究
- ☐ 研究会
- ☐ トレーニングコース実施

2. 研究課題名

IR-LEGO 法を用いたオオミジンコにおける細胞特異的な遺伝子発現誘導システムの開発と応用

3. 課題番号（審査結果通知書及び申請書に記載しています。）

21-405

4. 所内対応者

氏名：亀井保博

（次ページに続く）

5. 共同利用研究分担者 (注1)(注2)(注3)

- ・大阪大学大学院工学研究科 教授 渡邊肇
- ・基礎生物学研究所光学解析室 特任助教 坂本丞
- ・
- ・

6. 研究成果の概要及び今後の展望

COVID-19 の影響のため、研究所における共同研究は実施せず、これまでの研究成果に基づいて学術論文の作成を進めた。

今後、共同研究により、様々な発生ステージ、組織で発現制御が可能となれば、環境依存的な性決定メカニズムを含めた環境応答機構の解析に用いることが可能となると思われる。

7. 研究成果発表等の予定

IR-LEGO 法を用いた胚における遺伝子発現誘導について研究成果を発表する予定である。

8. 備考

(注1) 記入例に沿って所属先機関名、部局名、職名、氏名を記載してください。

(注2) 研究会の場合は参加者リストを別紙(様式任意)として添付してください。

(注3) 共同利用研究分担者及び研究会参加者各位に、(注4)のとおり所属先機関名、部局名、職名、氏名が公開されることの下承を得てください。情報公開に関する承認が得られなかった場合、承認を得られなかった方の情報は報告書に記載しないようご注意ください。

(注4) 共同利用研究実施報告書は基礎生物学研究所のホームページ(<http://www.nibb.ac.jp/collabo/invite/invite.html>)に公開されます。公開できない内容は省略し、簡潔にご記入ください。

(注5) 1.～4.の情報に誤りがあった場合、担当係にて修正の上、自然科学共同利用・共同研究統括システム(NOUS) (<https://www.nins.jp/site/nous/>)に再アップロードしますのでご了承ください。

基礎生物学研究所長 殿

（報告者）

所属：鳥取大学医学部

氏名：竹内 隆

下記のとおり実施しましたので報告します。

記

1. 種別（いずれかをチェック☑してください。）

- ☐ 新規モデル生物開発共同利用研究
- ☐ 個別共同利用研究
- ☐ 統合ゲノミクス共同利用研究
- ☒ 統合イメージング共同利用研究
- ☐ 大型スペクトログラフ共同利用実験
- ☐ 生物遺伝資源新規保存技術開発共同利用研究
- ☐ 研究会
- ☐ トレーニングコース実施

2. 研究課題名

イモリ変異体の骨パターン解析

3. 課題番号（審査結果通知書及び申請書に記載しています。）

21-406

4. 所内対応者

氏名： 亀井 保博

（次ページに続く）

5. 共同利用研究分担者 (注1)(注2)(注3)

(記入例：自然大学大学院工学研究科 准教授 岡崎太郎)

- ・鳥取大学医学部 助教 松原 遼
- ・鳥取大学大学院医学系研究科 前期課程 2 年 戸澤 紗代
- ・鳥取大学大学院医学系研究科 前期課程 1 年 伊藤 優
- ・鳥取大学大学院医学系研究科 前期課程 1 年 裏川 浩平

6. 研究成果の概要及び今後の展望

昨年に引き続いて、尾と後肢の構造に異常を示すイベリアトゲイモリ変異体（様々な遺伝子型）の骨構造をマイクロ CT を用いて詳細に解析した結果、遺伝子型による違いがあること、尾が異常になる遺伝子型では、尾椎の数と大きさが成長とともに増加すること、また、多重変異体ではすべての個体で後肢と骨盤の骨構造がすべて欠損することをより多くの個体で確認した。今後はさらにこの観察を多くの個体や異なる変異体系統でも行い、学会や論文発表につなげる予定である。

7. 研究成果発表等の予定

今年度の解析結果を加えて年度内の学会、および来年度には論文として発表したい。

8. 備考

(注1) 記入例に沿って所属先機関名、部局名、職名、氏名を記載してください。

(注2) 研究会の場合は参加者リストを別紙（様式任意）として添付してください。

(注3) 共同利用研究分担者及び研究会参加者各位に、(注4) のとおり所属先機関名、部局名、職名、氏名が公開されることのできることを了承してください。情報公開に関する承認が得られなかった場合、承認を得られなかった方の情報は報告書に記載しないようご注意ください。

(注4) 共同利用研究実施報告書は基礎生物学研究所のホームページ (<http://www.nibb.ac.jp/collabo/invite/invite.html>) に公開されます。公開できない内容は省略し、簡潔にご記入ください。

(注5) 1. ～ 4. の情報に誤りがあった場合、担当係にて修正の上、自然科学共同利用・共同研究統括システム(NOUS) (<https://www.nins.jp/site/nous/>) に再アップロードしますのでご了承ください。

2022 年 5 月 2 日

基礎生物学研究所長 殿

（報告者）

所属：広島大学両生類研究センター

氏名：鈴木 誠

下記のとおり実施しましたので報告します。

記

1. 種別（いずれかをチェック☑してください。）

- ☐ 新規モデル生物開発共同利用研究
- ☐ 個別共同利用研究
- ☐ 統合ゲノミクス共同利用研究
- ☒ 統合イメージング共同利用研究
- ☐ 大型スペクトログラフ共同利用実験
- ☐ 生物遺伝資源新規保存技術開発共同利用研究
- ☐ 研究会
- ☐ トレーニングコース実施

2. 研究課題名

コンピューター断層撮影法によるネッタイツメガエル近交系の 3D 表現型解析

3. 課題番号（審査結果通知書及び申請書に記載しています。）

21-407

4. 所内対応者

氏名：亀井保博

（次ページに続く）

5. 共同利用研究分担者 (注1)(注2)(注3)

- ・広島大学両生類研究センター 教授 荻野 肇
- ・広島大学両生類研究センター 助教 井川 武

6. 研究成果の概要及び今後の展望

本研究では、広島大学両生類研究センターで作出されたネッタイツメガエル (*Xenopus tropicalis*) の近交系 4 系統 (Nigerian A, Nigerian H, Nigerian BH, Ivory Coast) の表現型について特に内部構造の差異を明らかにすることを目的として、マイクロ CT (Computed Tomography, コンピュータ断層撮影) 装置を用いた解析を計画した。4 系統の個体を体系的に採集しホルマリンを含む溶液で固定処理したのち、硬骨組織のイメージングについては無染色のまま行うこととし、その他の軟組織のイメージングについては均一な軟組織の染色をもたらすリンタングステン酸液による 2 通りの染色法を用いることとした。以上の方法で調整したサンプルをマイクロ X 線 CT の R_mCT2 (Rigaku) を用いて観察し、得られた画像データはマイクロ CT 付属ソフトウェア又は画像処理ソフトウェア OsiriX (<http://www.osirix-viewer.com>) を用いて解析することとした。本年度は指骨形態の発生学的由来の同定と、硬骨組織に加えて軟組織における形態的多型の存在の検証を行うことを計画した。しかし、新型コロナウイルス感染拡大の影響により出張することができず、当初予定していた実験は実施できなかった。そこで実験内容の技術的な検討課題について所内対応者である亀井准教授との打ち合わせを電子メール及び web 会議で行い、リンタングステン酸では可視化できない軟骨の染色法について検討した。そして広島大学に設置された別のマイクロ X 線 CT 装置の SkyScan 1176 (Bruker) を用いて、幼生頭部をサンプルとして、ルテニウムレッドによる予備的な解析を実施した。その結果、ルテニウムレッドではツメガエル幼生頭部の軟骨を解析可能な状態まで染色することができなかった。今後は、リンタングステン酸染色による解析を継続すると共に、ルテニウムレッドに代わる有効な軟骨染色法を探索することとした。

7. 研究成果発表等の予定

本研究成果の一部は以下の学会発表で公表した。

石井 理央奈, 鈴木 誠, 鈴木 菜花, 荻野 肇

ツメガエル幼生における終脳再生の初期過程の三次元形態解析

第 92 回日本動物学会大会 (オンライン開催)、2021.9.2、ポスター発表

8. 備考

(注 1) 記入例に沿って所属先機関名、部局名、職名、氏名を記載してください。

(注 2) 研究会の場合は参加者リストを別紙 (様式任意) として添付してください。

(注 3) 共同利用研究分担者及び研究会参加者各位に、(注 4) のとおり所属先機関名、部局名、職名、氏名が公開されることのできることを了承してください。情報公開に関する承認が得られなかった場合、承認を得ら

れなかった方の情報は報告書に記載しないようご注意ください。

（注４） 共同利用研究実施報告書は基礎生物学研究所のホームページ（<http://www.nibb.ac.jp/collabo/invite/invite.html>）に公開されます。公開できない内容は省略し、簡潔にご記入ください。

（注５） １．～４．の情報に誤りがあった場合、担当係にて修正の上、自然科学共同利用・共同研究統括システム(NOUS)（<https://www.nins.jp/site/nous/>）に再アップロードしますのでご了承ください。

基礎生物学研究所共同利用研究実施報告書（2021年度）

2022年5月31日

基礎生物学研究所長 殿

（報告者）

所属：北海道大学電子科学研究所

氏名：西上 幸範

下記のとおり実施しましたので報告します。

記

1. 種別（いずれかをチェック☑してください。）

- ☐ 新規モデル生物開発共同利用研究
- ☐ 個別共同利用研究
- ☐ 統合ゲノミクス共同利用研究
- ☒ 統合イメージング共同利用研究
- ☐ 大型スペクトログラフ共同利用実験
- ☐ 生物遺伝資源新規保存技術開発共同利用研究
- ☐ 研究会
- ☐ トレーニングコース実施

2. 研究課題名

細胞形状から解明する原生生物の行動様式

3. 課題番号（審査結果通知書及び申請書に記載しています。）

21-408

4. 所内対応者

氏名：野中 茂紀

（次ページに続く）

5. 共同利用研究分担者 (注1)(注2)(注3)

(記入例：自然大学大学院工学研究科 准教授 岡崎太郎)

- ・京都大学理学研究科 講師 市川正敏
- ・山形大学理学部 助教 野村真未

6. 研究成果の概要及び今後の展望

近年、真核生物の多様性は原生生物によって担われている事が分かってきた。また、自然界での存在量も多く原生生物はエネルギーグループにおいて重要な役割を果たしている事がわかっている。したがって、原生生物の行動はその生息域の環境に大きな影響を与えることが予想され、地球環境や生態系を本質的に理解するためには原生生物の行動メカニズムを解明することは必須の事項である。本研究では淡水を遊泳する繊毛虫 *Tetrahymena pyriformis* が示す走流性に着目して研究を行った。淡水性繊毛虫は一般に走流性を示すと考えられてきたが、定量性をもってこの行動を研究した例はなかった。そこでマイクロ流体デバイスを用いて実験を行ったところ、壁付近で明確な走流性を確認された。またライトシート顕微鏡を用いて、流れ場中の繊毛打波形を確認したところ、壁付近で繊毛打頻度が著しく低下していることが分かった。これらの実験事実を踏まえ流体シミュレーションを行ったところ、繊毛虫の走流性には細胞形状と、壁付近での繊毛打の停止が重要であることが分かった。

7. 研究成果発表等の予定

これらの結果は、下記の国際論文誌に掲載された。

“Near-wall rheotaxis of the ciliate *Tetrahymena* induced by the kinesthetic sensing of cilia” Takuya Ohmura, Yukinori Nishigami, Atsushi Taniguchi, **Shigenori Nonaka**, Takuji Ishikawa, Masatoshi Ichikawa, *Science Advances* 7(43) abi5878 (2021)

8. 備考

(注1) 記入例に沿って所属先機関名、部局名、職名、氏名を記載してください。

(注2) 研究会の場合は参加者リストを別紙(様式任意)として添付してください。

(注3) 共同利用研究分担者及び研究会参加者各位に、(注4)のとおり所属先機関名、部局名、職名、氏名が公開されることのできることを了承してください。情報公開に関する承認が得られなかった場合、承認を得られなかった方の情報は報告書に記載しないようご注意ください。

(注4) 共同利用研究実施報告書は基礎生物学研究所のホームページ(<http://www.nibb.ac.jp/collabo/invite/invite.html>)に公開されます。公開できない内容は省略し、簡潔にご記入ください。

(注5) 1. ~ 4. の情報に誤りがあった場合、担当係にて修正の上、自然科学共同利用・共同研究統括システム(NOUS) (<https://www.nins.jp/site/nous/>)に再アップロードしますのでご了承ください。

基礎生物學研究所長 殿

（報告者）

所属：東北大学大学院生命科学研究科附属

浅虫海洋生物学教育研究センター

氏名：美濃川拓哉

下記のとおり実施しましたので報告します。

記

1. 種別（いずれかをチェック☑してください。）

- ☐ 新規モデル生物開発共同利用研究
- ☐ 個別共同利用研究
- ☐ 統合ゲノミクス共同利用研究
- ☒ 統合イメージング共同利用研究
- ☐ 大型スペクトログラフ共同利用実験
- ☐ 生物遺伝資源新規保存技術開発共同利用研究
- ☐ 研究会
- ☐ トレーニングコース実施

2. 研究課題名

始原新口動物のボディプランに関する研究

3. 課題番号（審査結果通知書及び申請書に記載しています。）

21-409

4. 所内対応者

氏名：

亀井保博 准教授 超階層生物学センターバイオイメーjing解析室

（次ページに続く）

5. 共同利用研究分担者 (注1)(注2)(注3)

- ・お茶の水女子大学湾岸生物教育研究センター 研究協力員 雨宮昭南
- ・東北大学大学院生命科学研究科 大学院生 門叶康平
- ・
- ・

6. 研究成果の概要及び今後の展望

今年度も昨年度にひきつづき、トリノアシ *Metacrinus rotundus* の着底期形態変化、バフンウニ *Hemicentrotus pulcherrimus* の変態期消化管の形態変化、ミドリシヤミセンガイ *Lingula anatina* の原腸形成を解析した。今年度はCovid-19感染症の流行の影響で、共同利用計画の多くは中止せざるを得ず、共同利用は2021年12月に研究分担者の雨宮がトリノアシ幼生の共焦点レーザー顕微鏡観察を実施した一回のみであった。他の研究課題については昨年度に取得した画像データの再解析と来年度にむけての予備実験に注力した。その結果、バフンウニ消化管の変態期形態変化過程で特異な挙動を示す細胞群について複数の知見を得た。この細胞群の性質の解明を来年度の研究の大きなテーマの一つとして位置づけている。これに加えて、他の研究課題も今年度の遅れを取り戻す計画である。

7. 研究成果発表等の予定

当研究課題で開発した、共焦点レーザー顕微鏡観察用の簡便染色法技術に関する論文を一報、発表した (Tokanai et al., 2021)。

8. 備考

Tokanai, K., Kamei, Y., and Minokawa, T. (2021) An easy and rapid staining method for confocal microscopic observation and reconstruction of three-dimensional images of echinoderm larvae and juveniles. *Develop. Growth. Differ.* 12758.

(注1) 記入例に沿って所属先機関名、部局名、職名、氏名を記載してください。

(注2) 研究会の場合は参加者リストを別紙(様式任意)として添付してください。

(注3) 共同利用研究分担者及び研究会参加者各位に、(注4)のとおり所属先機関名、部局名、職名、氏名が公開されることのできることを了承してください。情報公開に関する承認が得られなかった場合、承認を得られなかった方の情報は報告書に記載しないようご注意ください。

(注4) 共同利用研究実施報告書は基礎生物学研究所のホームページ (<http://www.nibb.ac.jp/collabo/invite/invite.html>) に公開されます。公開できない内容は省略し、簡潔にご記入ください。

(注5) 1. ~ 4. の情報に誤りがあった場合、担当係にて修正の上、自然科学共同利用・共同研究統括システム(NOUS) (<https://www.nins.jp/site/nous/>) に再アップロードしますのでご了承ください。

基礎生物学研究所共同利用研究実施報告書（令和3年度）

令和4年5月31日

基礎生物学研究所長 殿

（報告者）

所属： 宇都宮大学工学部

氏名： 玉田 洋介

下記のとおり実施しましたので報告します。

記

1. 種別（いずれかをチェック☑してください。）

- ☐ 新規モデル生物開発共同利用研究
- ☐ 個別共同利用研究
- ☐ 統合ゲノミクス共同利用研究
- ☒ 統合イメージング共同利用研究
- ☐ 大型スペクトログラフ共同利用実験
- ☐ 生物遺伝資源新規保存技術開発共同利用研究
- ☐ 研究会
- ☐ トレーニングコース実施

2. 研究課題名

IR-LEGO を用いたヒメツリガネゴケ光細胞操作と温度センサータンパク質を用いた生細胞温度計測

3. 課題番号（審査結果通知書及び申請書に記載しています。）

21-410

4. 所内対応者

氏名： 亀井 保博

（次ページに続く）

5. 共同利用研究分担者 (注1)(注2)(注3)

- ・宇都宮大学工学部 准教授 玉田洋介
- ・基礎生物学研究所生命熱動態研究室 博士研究員 友井拓実
- ・基礎生物学研究所生命熱動態研究室 特任助教 坂本丞
- ・宇都宮大学工学部 日本学術振興会特別研究員 Gu, Nan
- ・宇都宮大学大学院地域創生科学研究科 修士一年生 沼田千鶴
- ・宇都宮大学大学院地域創生科学研究科 修士一年生 吉田優佳

6. 研究成果の概要及び今後の展望

赤外レーザー誘起細胞操作顕微鏡法 (Infrared laser evoked gene operator; IR-LEGO) を新しい生物に適用する際には、赤外レーザー照射による加温で細胞がダメージを受けずに十分な遺伝子発現を誘導する実験条件を確立する必要がある。本研究は IR-LEGO をコケ植物ヒメツリガネゴケ (*Physcomitrium patens*) に適用することを目的とし、ヒートショックプロモーター配列の下流に蛍光タンパク質遺伝子を配置してヒメツリガネゴケに導入した株を用いて、様々な条件で細胞に赤外レーザーを照射し、その後の生育を明視野像で、遺伝子発現を蛍光タンパク質の蛍光像で、それぞれタイムラプス観察を行った。その結果、細胞の生存や植物体の生育に大きな影響を与えることなく、蛍光タンパク質の発現を誘導できる実験条件を解明した。

また、これまでの共同利用研究の成果として、以下の論文を発表した。

Nan Gu, Chunli Chen, Yukiko Kabeya, Mitsuyasu Hasebe, Yosuke Tamada (2022) Topoisomerase 1 α is required for synchronous spermatogenesis in *Physcomitrium patens*. *New Phytologist*, 234: 137-148 (doi: 10.1111/nph.17983)

7. 研究成果発表等の予定

上記令和3年度の共同利用研究の成果については、令和4年中の論文投稿を目指して論文を執筆中である。

8. 備考

(注1) 記入例に沿って所属先機関名、部局名、職名、氏名を記載してください。

(注2) 研究会の場合は参加者リストを別紙(様式任意)として添付してください。

(注3) 共同利用研究分担者及び研究会参加者各位に、(注4)のとおり所属先機関名、部局名、職名、氏名が公開されることのできることを了承してください。情報公開に関する承認が得られなかった場合、承認を得られなかった方の情報は報告書に記載しないようご注意ください。

(注4) 共同利用研究実施報告書は基礎生物学研究所のホームページ (<http://www.nibb.ac.jp/collabo/invite/invite.html>) に公開されます。公開できない内容は省略し、簡潔にご記入ください。

(注5) 1. ~ 4. の情報に誤りがあった場合、担当係にて修正の上、自然科学共同利用・共同研究統括システム(NOUS) (<https://www.nins.jp/site/nous/>) に再アップロードしますのでご了承ください。

2022 年 4 月 29 日

基礎生物学研究所長 殿

（報告者）

所属：岡山大学異分野融合先端研究コア

氏名：佐藤 伸

下記のとおり実施しましたので報告します。

記

1. 種別（いずれかをチェック☑してください。）

- ☐ 新規モデル生物開発共同利用研究
- ☒ 個別共同利用研究
- ☐ 統合ゲノミクス共同利用研究
- ☐ 統合イメージング共同利用研究
- ☐ 大型スペクトログラフ共同利用実験
- ☐ 生物遺伝資源新規保存技術開発共同利用研究
- ☐ 研究会
- ☐ トレーニングコース実施

2. 研究課題名

メキシコサラマンダー皮膚におけるコラーゲン繊維の一線維レベルのイメージング技術の確立とコラーゲンの立体構築プロセスの解明

3. 課題番号（審査結果通知書及び申請書に記載しています。）

21-411

4. 所内対応者

氏名： 亀井保博

（次ページに続く）

5. 共同利用研究分担者 (注1)(注2)(注3)

・岡山大学 自然科学研究科 博士課程後期 榎本玲菜

6. 研究成果の概要及び今後の展望

皮膚真皮コラーゲンが細胞外マトリクスの主要な構成成分であるがゆえに膨大な知見が蓄積されてきた。しかし、意外なことに皮膚におけるコラーゲン繊維の部位特異性や繊維の集積過程に関する *in vivo* レベルの知見はほぼ存在していない。この大きな要因は動物の皮膚の不透明さなどを挙げられる。有尾両生類の皮膚構造は哺乳類に基本的には比肩できる構造であり、かつ再生可能という特徴を有する。加えて、メキシコサラマンダーの皮膚は極めて透明度が高く、*in vivo* での観察に優れるという利点を有する。このメキシコサラマンダーの皮膚を用いてコラーゲンの立体構築のプロセスを詳らかにしたいと考える。これまでの研究の中で、1細胞レベル、1線維レベルでコラーゲンの立体構造を可視化する方法を見出すことに成功した。本年は、コラーゲン繊維の合成細胞のより詳細な構造取得のために様々なイメージングを行った。亀井、野中（敬称略）の所内対応者と共同研究者の協力のもと、SHG や共焦点顕微鏡イメージングなどを駆使して詳細な画像取得が可能となった。特に *in vivo* の4次元観察ができたことはリバイスの論文作成時に大きな助力となった。

今後は、同様の手法を発展させて、今回明らかになりつつある、異なるタイプのコラーゲン合成細胞に着目していきたいと考えている。メッシュを構成する細胞と、柱を作る細胞に明確な形態的差異と空間的差異が存在していることが明らかになりつつある。3次元空間的に解像度のより高い画像取得が必要であり、継続して亀井の助力を得る。また、コラーゲン合成細胞の存在比が加齢とともに変動する可能性も提示されてきているので、より詳細な画像解析技術を導入し、加齢と細胞変動についても新しい方針で検討を加えていく予定としている。

7. 研究成果発表等の予定

本研究は現在 iScience に投稿中であり、先ほど (5/2) リバイスを投稿した。レビューの二名とも好意的なコメントであったので、問題なく受理されるものと考えている。学会発表としては2022にEMBO Regeneration meeting, Salamander Meetingに参加予定である。

8. 備考

(注1) 記入例に沿って所属先機関名、部局名、職名、氏名を記載してください。

(注2) 研究会の場合は参加者リストを別紙（様式任意）として添付してください。

(注3) 共同利用研究分担者及び研究会参加者各位に、(注4)のとおり所属先機関名、部局名、職名、氏名が公開されることのできることを了承してください。情報公開に関する承認が得られなかった場合、承認を得られなかった方の情報は報告書に記載しないようご注意ください。

（注４） 共同利用研究実施報告書は基礎生物学研究所のホームページ（<http://www.nibb.ac.jp/collabo/invite/invite.html>）に公開されます。公開できない内容は省略し、簡潔にご記入ください。

（注５） １．～４．の情報に誤りがあった場合、担当係にて修正の上、自然科学共同利用・共同研究統括システム(NOUS)（<https://www.nins.jp/site/nous/>）に再アップロードしますのでご了承ください。

2022 年 5 月 11 日

基礎生物学研究所長 殿

（報告者）

所属： 理化学研究所

氏名： 加藤 孝信

下記のとおり実施しましたので報告します。

記

1. 種別（いずれかをチェック☑してください。）

- ☐ 新規モデル生物開発共同利用研究
- ☐ 個別共同利用研究
- ☐ 統合ゲノミクス共同利用研究
- ☒ 統合イメージング共同利用研究
- ☐ 大型スペクトログラフ共同利用実験
- ☐ 生物遺伝資源新規保存技術開発共同利用研究
- ☐ 研究会
- ☐ トレーニングコース実施

2. 研究課題名

マウス胚ノード細胞および繊毛の動態観察

3. 課題番号（審査結果通知書及び申請書に記載しています。）

21-412

4. 所内対応者

氏名： 野中 茂紀

（次ページに続く）

5. 共同利用研究分担者 (注1)(注2)(注3)

なし

6. 研究成果の概要及び今後の展望

特に実験の計画段階で所内担当者である野中准教授をはじめ時空間制御研究室のメンバーの方からサジェスチョンを頂くことにより、本年度はノード不動繊毛の3次元ハイスピードイメージングなどを行うことが出来た。その結果、目標の一つであった、繊毛の3次元形状変化の取得を実現することが出来た。

本共同利用に関連するデータも含め、ノード不動繊毛が力学的な力を感じていること。そしてノード不動繊毛におけるメカノセンシティブチャネルの局在が、その機能に重要であることなどを明らかにし、論文投稿することが出来た。

次年度は、こうしたデータをもとに、さらに一次繊毛全般におけるメカノセンシング機構の解明を目指して共同利用を継続していく予定である。

7. 研究成果発表等の予定

以下のプレプリントとして成果を発表しただけでなく、複数の国内外の学会で発表予定。

[プレプリント] Takanobu A Katoh et al., “Immotile cilia of the mouse node sense a fluid flow-induced mechanical force for left-right symmetry breaking”, bioRxiv (2022)

8. 備考

(注1) 記入例に沿って所属先機関名、部局名、職名、氏名を記載してください。

(注2) 研究会の場合は参加者リストを別紙(様式任意)として添付してください。

(注3) 共同利用研究分担者及び研究会参加者各位に、(注4)のとおり所属先機関名、部局名、職名、氏名が公開されることのできることを了承してください。情報公開に関する承認が得られなかった場合、承認を得られなかった方の情報は報告書に記載しないようご注意ください。

(注4) 共同利用研究実施報告書は基礎生物学研究所のホームページ(<http://www.nibb.ac.jp/collabo/invite/invite.html>)に公開されます。公開できない内容は省略し、簡潔にご記入ください。

(注5) 1.～4.の情報に誤りがあった場合、担当係にて修正の上、自然科学共同利用・共同研究統括システム(NOUS) (<https://www.nins.jp/site/nous/>)に再アップロードしますのでご了承ください。

2022 年 5 月 31 日

基礎生物學研究所長 殿

（報告者）

所属：北海道大学大学院農學研究院

氏名：佐藤昌直

下記のとおり実施しましたので報告します。

記

1. 種別（いずれかをチェック☑してください。）

- ☐ 新規モデル生物開発共同利用研究
- ☐ 個別共同利用研究
- ☐ 統合ゲノミクス共同利用研究
- ☒ 統合イメージング共同利用研究
- ☐ 大型スペクトログラフ共同利用実験
- ☐ 生物遺伝資源新規保存技術開発共同利用研究
- ☐ 研究会
- ☐ トレーニングコース実施

2. 研究課題名

遺伝子発現レポーターアッセイ多検体・並列解析系の構築：時間的解像度と多点観察のバランスが取れたレポーター系の確立

3. 課題番号（審査結果通知書及び申請書に記載しています。）

21-413

4. 所内対応者

氏名：亀井 保博

（次ページに続く）

5. 共同利用研究分担者 (注1)(注2)(注3)

・該当なし

6. 研究成果の概要及び今後の展望

遺伝子制御ネットワークを介した情報伝達は発生や環境応答などの内的・外的情報を処理する基本的な生命活動である。しかし、生物が持つ遺伝子制御ネットワークの理解、特に遺伝子制御ネットワークの挙動から構造を理解することは、生物学におけるチャレンジの1つである。

本研究では、無脊椎動物に感染する大型 DNA ウイルスであるバキュロウイルスをモデル (カイコ核多角体病ウイルス[Bombyx mori nucleopolyhedrovirus, BmNPV]) に遺伝子制御ネットワークについて研究を進める。BmNPV は DNA をゲノムとして持ち、143 ORF がそのゲノムにコードされているウイルスである。DNA ウイルス遺伝子の機能発現は転写による発現調節から始まり、ある遺伝子の転写はその遺伝子の上流遺伝子が活性を発揮したことを示す。ウイルス遺伝子の転写レポーターを網羅的に作成し、転写動態を解析することで、遺伝子ネットワークの構成因子 (遺伝子ネットワークの各所) の活性を測定可能になる。一方で、143 のウイルス遺伝子プロモーターレポーターウイルスを観察しつつ、十分に時間的解像度が高い時系列観察を個々について行うためには、顕微鏡観察を可能な限り自動化・最適化する必要もある。

代表者はウイルス遺伝子転写活性化状態を測定する系として蛍光タンパク質レポーターを準備し、並列観察を最適化するために、Metamorph を使ったオートフォーカスに適した実験系の調整等、自動化・最速化を図ってきた。今年度はこれまでに構築した、10 種のレポーターウイルス (BmNPV の遺伝子発現に必須な 10 遺伝子の各プロモーターのレポーターウイルス) とロックダウン系を用い、これら 10 必須遺伝子の制御関係を推定する実験データの収集・統計解析・モデリングを行った

遺伝子制御ネットワークモデリングの結果の要約を下図に示す。下図の各丸 (ノード) がウイルス遺伝子を、矢印 (エッジ) が制御関係を示している。また、制御関係の測定のために観察したタイムポイントは計 73 点あるが、すべてのタイムポイントで観察された制御関係をすべて示している。現在、この結果から p143 がシグナル伝達のハブ、特にフィードバックを含むシグナル増幅の役割を担う遺伝子であると仮説を立てている。今後は BmNPV 遺伝子制御ネットワークの中でも最重要な遺伝子の候補として p143 に着目し、実験的検証を進めると共に、ネットワーク構造から推定される遺伝子制御ネットワーク動態・性質についても解析を進めていく。

7. 研究成果発表等の予定

第 45 回日本分子生物学会年会もしくは令和 5 年度日本蚕糸学会での成果発表を予定している。

8. 備考

(注 1) 記入例に沿って所属先機関名、部局名、職名、氏名を記載してください。

(注 2) 研究会の場合は参加者リストを別紙（様式任意）として添付してください。

(注 3) 共同利用研究分担者及び研究会参加者各位に、(注 4) のとおり所属先機関名、部局名、職名、氏名が公開されることの下承を得てください。情報公開に関する承認が得られなかった場合、承認を得られなかった方の情報は報告書に記載しないようご注意ください。

(注4) 共同利用研究実施報告書は基礎生物学研究所のホームページ (<http://www.nibb.ac.jp/collabo/invite/invite.html>) に公開されます。公開できない内容は省略し、簡潔にご記入ください。

(注5) 1. ～ 4. の情報に誤りがあった場合、担当係にて修正の上、自然科学共同利用・共同研究統括システム(NOUS) (<https://www.nins.jp/site/nous/>) に再アップロードしますのでご了承ください。

基礎生物学研究所共同利用研究実施報告書（2021 年度）

2022 年 5 月 28 日

基礎生物学研究所長 殿

（報告者）

所属：帝京大学・先端総合研究機構

氏名：近藤晶子

下記のとおり実施しましたので報告します。

記

1. 種別（いずれかをチェック☑してください。）

- ☐ 新規モデル生物開発共同利用研究
- ☒ 個別共同利用研究
- ☐ 統合ゲノミクス共同利用研究
- ☐ 統合イメージング共同利用研究
- ☐ 大型スペクトログラフ共同利用実験
- ☐ 生物遺伝資源新規保存技術開発共同利用研究
- ☐ 研究会
- ☐ トレーニングコース実施

2. 研究課題名

3D 細胞系譜ライブイメージングから形態形成のロバストネスのメカニズムに迫る

3. 課題番号（審査結果通知書及び申請書に記載しています。）

21-414

4. 所内対応者

氏名：野中茂紀

（次ページに続く）

5. 共同利用研究分担者 (注1)(注2)(注3)

(記入例：自然大学大学院工学研究科 准教授 岡崎太郎)

- ・ 基礎生物学研究所 特任准教授 亀井保博
- ・
- ・
- ・

6. 研究成果の概要及び今後の展望

本研究計画では、「ゼブラフィッシュ原腸胚初期での内胚葉前駆細胞の移入運動開始において、細胞が特定の細胞周期にあることが必要である」、という仮説を検証することを目的としていた。そのために、薬剤処理により細胞周期を特定の時期で停止させ、基礎生物学研究所の光シート顕微鏡を用いて移入運動への影響を調べることを目指していた。

本年度、新型コロナウイルス感染症流行の影響で基礎生物学研究所の訪問が難しく、光シート顕微鏡を用いた撮影を実施することができなかった。

一方で、顕微鏡画像取得後の解析のための画像解析手法の開発を行った。細胞移入運動を定量的に検証するために、個々の細胞の胚表面からの距離を定量する必要がある。そのためには胚の輪郭を標識した画像を用意して胚の輪郭抽出する必要がある。しかし使用できる蛍光チャンネル数の制限があり難しかった。そのため、胚の内部に目的境界以外の輝度変化や、蛍光輝度の時間変化があっても対応可能な、独自の輪郭抽出方法を開発し、内胚葉細胞分化マーカーの画像から胚の輪郭抽出を行っていた。しかし、その方法は1つの軸に沿った境界にみに対応しており、輪郭抽出できる形状に制限があった。今回、新たに多方向に沿った輝度変化を検出できるように改変し、より多様な形状の輪郭に対応できるようになった。今後、開発した輪郭抽出方法を用いて、移入運動への細胞周期の影響を解析したい。

7. 研究成果発表等の予定

論文投稿準備中

8. 備考

(注1) 記入例に沿って所属先機関名、部局名、職名、氏名を記載してください。

(注2) 研究会の場合は参加者リストを別紙(様式任意)として添付してください。

(注3) 共同利用研究分担者及び研究会参加者各位に、(注4)のとおり所属先機関名、部局名、職名、氏名が公開されることの下承を得てください。情報公開に関する承認が得られなかった場合、承認を得られなかった方の情報は報告書に記載しないようご注意ください。

(注4) 共同利用研究実施報告書は基礎生物学研究所のホームページ(<http://www.nibb.ac.jp/collabo/invite/invite.html>)に公開されます。公開できない内容は省略し、簡潔にご記入ください。

(注5) 1. ～ 4. の情報に誤りがあった場合、担当係にて修正の上、自然科学共同利用・共同研究統括システム(NOUS) (<https://www.nins.jp/site/nous/>)に再アップロードしますのでご了承ください。

2022 年 4 月 5 日

基礎生物学研究所長 殿

（報告者）

所属：岩手医科大学解剖学講座

氏名：木村英二

下記のとおり実施しましたので報告します。

記

1. 種別（いずれかをチェック☑してください。）

- ☐ 新規モデル生物開発共同利用研究
- ☐ 個別共同利用研究
- ☐ 統合ゲノミクス共同利用研究
- ☒ 統合イメージング共同利用研究
- ☐ 大型スペクトログラフ共同利用実験
- ☐ 生物遺伝資源新規保存技術開発共同利用研究
- ☐ 研究会
- ☐ トレーニングコース実施

2. 研究課題名

脳血管系の形態形成メカニズムの解明

3. 課題番号（審査結果通知書及び申請書に記載しています。）

21-415

4. 所内対応者

氏名：野中茂紀

（次ページに続く）

5. 共同利用研究分担者 (注1)(注2)(注3)

(記入例：自然大学大学院工学研究科 准教授 岡崎太郎)

・

6. 研究成果の概要及び今後の展望

2021 年度には、遺伝子組み換えゼブラフィッシュ胚を用いて、4 つの実験を行った。まず①鰓弓形成、②中脳後脳境界 (MHB) の形成を対象にイメージングを行った。全細胞の細胞膜や細胞核で蛍光を発する系統、血管で特異的に蛍光を発する系統を組み合わせることで胚内の構造を可視化し、おもに二光子顕微鏡によりタイムラプス・イメージングを行い、鰓弓の初期形成過程と MHB の形成過程を明らかにすることに成功した。これらに関しては、今後データ解析を行い、成果をまとめていく。また昨年度から継続して③初期の脳血管の起源の解明に関してもイメージングを行った。血管内皮細胞の核で特異的に蛍光を発する系統を用いることで、内皮細胞を個別に認識し、追跡可能な状態でイメージングを行った。撮影条件の検討を重ね、各 z-stack のインターバルを 5 分にまで短縮することが出来、この条件でのデータ取得を現在進めている。今後は 2022 年度中にはデータを取り終えて、tracking 解析へと進み、解析が終了次第成果をまとめていく。また年度末には、④脳血管系のアトラス作成のためのデータの取得も行った。全細胞の細胞膜で蛍光を発する系統と血管内皮細胞で蛍光を発する系統を交配することで組織内での血管の走行が可視化した胚を取得できる。この胚を受精後 12、18 体節期、受精後 1、1.5、2、2.5、3 日目胚でサンプリングし、4%PFA で固定後に透明化剤 Scale-A2 に置換した。二光子顕微鏡で $0.5\mu\text{m}$ のインターバルで撮影することで頭部の詳細な 3D データを取得した。今後は、2022 年度中にデータ取得を完了させ、初期の脳血管の形成過程を、周囲組織との位置関係を含めて明らかにし、哺乳類の初期の頭部血管形成とも比較し、その成果をまとめていく。

7. 研究成果発表等の予定

鰓弓形成、中脳後脳境界の形成に関するライブイメージングデータに関しては 2022 年度中に英語論文での発表を目指す。脳血管アトラスに関しても、2022 年度も継続してデータを取得し、完成次第、英語論文での発表を目指す。脳血管の起源に関しては、2022 年度に tracking 解析を行い、終了次第英語論文での発表を目指す。

8. 備考

特になし

(注1) 記入例に沿って所属先機関名、部局名、職名、氏名を記載してください。

(注2) 研究会の場合は参加者リストを別紙(様式任意)として添付してください。

(注3) 共同利用研究分担者及び研究会参加者各位に、(注4)のとおり所属先機関名、部局名、職名、氏名が公開されることのできることを了承してください。情報公開に関する承認が得られなかった場合、承認を得られなかった方の情報は報告書に記載しないようご注意ください。

(注4) 共同利用研究実施報告書は基礎生物学研究所のホームページ

(<http://www.nibb.ac.jp/collabo/invite/invite.html>)に公開されます。公開できない内容は省略し、簡潔にご記入ください。

(注5) 1. ～ 4. の情報に誤りがあった場合、担当係にて修正の上、自然科学共同利用・共同研究統括システム(NOUS) (<https://www.nins.jp/site/nous/>)に再アップロードしますのでご了承ください。

2022 年 4 月 22 日

基礎生物学研究所長 殿

（報告者）
所属：山梨大学
氏名：成田啓之

下記のとおり実施しましたので報告します。

記

1. 種別（いずれかをチェック☑してください。）

- ☐ 新規モデル生物開発共同利用研究
- ☐ 個別共同利用研究
- ☐ 統合ゲノミクス共同利用研究
- ☒ 統合イメージング共同利用研究
- ☐ 大型スペクトログラフ共同利用実験
- ☐ 生物遺伝資源新規保存技術開発共同利用研究
- ☐ 研究会
- ☐ トレーニングコース実施

2. 研究課題名

脳室壁に病巣を有するマウス脳組織における活性化ミクログリアの空間分布解析

3. 課題番号（審査結果通知書及び申請書に記載しています。）

21-416

4. 所内対応者

氏名：野中茂紀

（次ページに続く）

5. 共同利用研究分担者 (注1)(注2)(注3)

(記入例：自然大学大学院工学研究科 准教授 岡崎太郎)

・山梨大学 教授 竹田扇

6. 研究成果の概要及び今後の展望

Hoatzin 野生型およびホモ変異型のマウス脳ブロックを透明化・抗 IBA1 抗体を用いて免疫染色したものを山梨大学にて用意し、2021 年 7 月 20 日～21 日に野中研究室に持ち込んだ。Carl Zeiss マルチアングルライブイメージングシステム Lightsheet Z.1 を用いてデータ取得後、ImageJ を用いた立体再構築を試みたが、当初目指した活性化ミクログリアの空間分布の解析には至らなかった。原因としては透明化および免疫染色の両方の条件が最適でなかったことが考えられた。

上記の実験結果を踏まえ、Lightsheet 顕微鏡を用いた解析を継続するか否かを検討したが、脳室壁の周辺領域を含む厚めの脳切片の免疫染色解析で本来の目的を達成可能ではないかという結論に達し、共同利用研究を終了した。

7. 研究成果発表等の予定

なし

8. 備考

(注1) 記入例に沿って所属先機関名、部局名、職名、氏名を記載してください。

(注2) 研究会の場合は参加者リストを別紙(様式任意)として添付してください。

(注3) 共同利用研究分担者及び研究会参加者各位に、(注4)のとおり所属先機関名、部局名、職名、氏名が公開されることのできることを了承してください。情報公開に関する承認が得られなかった場合、承認を得られなかった方の情報は報告書に記載しないようご注意ください。

(注4) 共同利用研究実施報告書は基礎生物学研究所のホームページ(<http://www.nibb.ac.jp/collabo/invite/invite.html>)に公開されます。公開できない内容は省略し、簡潔にご記入ください。

(注5) 1. ～ 4. の情報に誤りがあった場合、担当係にて修正の上、自然科学共同利用・共同研究統括システム(NOUS) (<https://www.nins.jp/site/nous/>)に再アップロードしますのでご了承ください。

2022 年 4 月 26 日

基礎生物學研究所長 殿

（報告者）

所属：豊橋技術科学大学

氏名：中鉢淳

下記のとおり実施しましたので報告します。

記

1. 種別（いずれかをチェック☑してください。）

- ☐ 新規モデル生物開発共同利用研究
- ☐ 個別共同利用研究
- ☐ 統合ゲノミクス共同利用研究
- ☒ 統合イメージング共同利用研究
- ☐ 大型スペクトログラフ共同利用実験
- ☐ 生物遺伝資源新規保存技術開発共同利用研究
- ☐ 研究会
- ☐ トレーニングコース実施

2. 研究課題名

新規二次代謝産物処理後の原核細胞微細構造の TEM 観察

3. 課題番号（審査結果通知書及び申請書に記載しています。）

21-417

4. 所内対応者

氏名：亀井保博

（次ページに続く）

5. 共同利用研究分担者 (注1)(注2)(注3)

(記入例：自然大学大学院工学研究科 准教授 岡崎太郎)

- ・豊橋技術科学大学 学部4年生 高須麗奈
- ・基礎生物学研究所 技術職員 近藤真紀

6. 研究成果の概要及び今後の展望

材料昆虫から対象二次代謝産物を抽出・精製し、培地に加えて大腸菌 *Escherichia coli* (Gammaproteobacteria: Enterobacterales) JM109 株や枯草菌 *Bacillus subtilis* (Firmicutes: Bacilli) ISW1214 株を培養し、回収した細胞より常法に従って透過型電子顕微鏡観察用の超薄切片を作製し、これを観察した。これにより、当該化合物処理による大腸菌・枯草菌の外殻構造や細胞内微細構造の変化を捉えることに成功した。今回は増殖期の細胞を用いたが、今後、定常期の細胞についても共同研究による解析をお願いする可能性がある。

7. 研究成果発表等の予定

論文を作成済みで、近日中に投稿予定。

8. 備考

(注1) 記入例に沿って所属先機関名、部局名、職名、氏名を記載してください。

(注2) 研究会の場合は参加者リストを別紙(様式任意)として添付してください。

(注3) 共同利用研究分担者及び研究会参加者各位に、(注4)のとおり所属先機関名、部局名、職名、氏名が公開されることの下承を得てください。情報公開に関する承認が得られなかった場合、承認を得られなかった方の情報は報告書に記載しないようご注意ください。

(注4) 共同利用研究実施報告書は基礎生物学研究所のホームページ (<http://www.nibb.ac.jp/collabo/invite/invite.html>) に公開されます。公開できない内容は省略し、簡潔にご記入ください。

(注5) 1. ～ 4. の情報に誤りがあった場合、担当係にて修正の上、自然科学共同利用・共同研究統括システム(NOUS) (<https://www.nins.jp/site/nous/>) に再アップロードしますのでご了承ください。

2022 年 3 月 14 日

基礎生物學研究所長 殿

（報告者）

所属：愛知学泉大学

氏名：瀬尾芳輝

下記のとおり実施しましたので報告します。

記

1. 種別（いずれかをチェック☑してください。）

- ☐ 新規モデル生物開発共同利用研究
- ☐ 個別共同利用研究
- ☐ 統合ゲノミクス共同利用研究
- ☒ 統合イメージング共同利用研究
- ☐ 大型スペクトログラフ共同利用実験
- ☐ 生物遺伝資源新規保存技術開発共同利用研究
- ☐ 研究会
- ☐ トレーニングコース実施

2. 研究課題名

二枚貝類の循環器機能の解析

3. 課題番号（審査結果通知書及び申請書に記載しています。）

21-419

4. 所内対応者

氏名：亀井保博

（次ページに続く）

5. 共同利用研究分担者 (注1)(注2)(注3)

(記入例：自然大学大学院工学研究科 准教授 岡崎太郎)

・海洋生物環境研究所中央研究所海洋生物グループ 研究員 瀬尾 絵理子

6. 研究成果の概要及び今後の展望

本研究は、核磁気共鳴画像法(MRI)、X線CTおよび組織学的解析法を用い、二枚貝類の腎機能や運動機能に果たす循環の役割を明らかにし、閉鎖循環系との比較生理学的解析を行うことが目的である。

本研究は、共同利用研究申請前の2021年1月より、生理研特別訪問研究員として、光学解析室の光学顕微鏡を使用して、淡水生二枚貝のイシガイの濾過機能についての組織学的解析を行い、MRIを用いて得た、濾過量と心房濾過膜の分画分子量、および尿細管内でのMR造影剤の濃度変化から、淡水生二枚貝の腎臓が、過剰な水の排泄に特化した機能を持っていることを明らかにし、*Biol. Open* に発表した。研究を進化させるために、統合イメージング共同利用研究を申請し、2021年6月からX線CTによる3次元微細構造の測定を行い、3次元MRI画像と併せて解析を進めている。

残念ながら、今年度後半は、新型コロナウイルス感染症に対する、まん延防止等重点措置により、共同研究者の行き来が難しくなり、3月9-10日にようやく μ CTの測定実験を行うことができた。予定よりも研究が遅れているが、来年度は腎機能に加えて、運動機能に果たす循環の役割を解明している予定である。

7. 研究成果発表等の予定

Seo, E., Wakashin, H., Seo, Y.

The kidney of the *Nodularia* freshwater mussel has a larger filtration-size and counter-current system with improved water excretion compared with the seawater mussel *Mytilus*.

Biol. Open. 10(6) June 8, 2021:bio058692. doi: 10.1242/bio.058692

8. 備考

(注1) 記入例に沿って所属先機関名、部局名、職名、氏名を記載してください。

(注2) 研究会の場合は参加者リストを別紙(様式任意)として添付してください。

(注3) 共同利用研究分担者及び研究会参加者各位に、(注4)のとおり所属先機関名、部局名、職名、氏名が公開されることのできることを了承してください。情報公開に関する承認が得られなかった場合、承認を得られなかった方の情報は報告書に記載しないようご注意ください。

(注4) 共同利用研究実施報告書は基礎生物学研究所のホームページ(<http://www.nibb.ac.jp/collabo/invite/invite.html>)に公開されます。公開できない内容は省略し、簡潔にご記入ください。

(注5) 1. ~ 4. の情報に誤りがあった場合、担当係にて修正の上、自然科学共同利用・共同研究統括システム(NOUS) (<https://www.nins.jp/site/nous/>)に再アップロードしますのでご了承ください。

基礎生物學研究所長 殿

（報告者）

所属：筑波大学生命環境系

氏名：鈴木 大地

下記のとおり実施しましたので報告します。

記

1. 種別（いずれかをチェック☑してください。）

- ☐ 新規モデル生物開発共同利用研究
- ☐ 個別共同利用研究
- ☐ 統合ゲノミクス共同利用研究
- ☒ 統合イメージング共同利用研究
- ☐ 大型スペクトログラフ共同利用実験
- ☐ 生物遺伝資源新規保存技術開発共同利用研究
- ☐ 研究会
- ☐ トレーニングコース実施

2. 研究課題名

ライトシート顕微鏡によるヌタウナギ前脳の立体構造の解明

3. 課題番号（審査結果通知書及び申請書に記載しています。）

21-420

4. 所内対応者

氏名：野中 茂紀

（次ページに続く）

5. 共同利用研究分担者 (注1)(注2)(注3)

(記入例：自然大学大学院工学研究科 准教授 岡崎太郎)

- ・
- ・
- ・
- ・

6. 研究成果の概要及び今後の展望

ヌタウナギは脊椎動物の系統の最も根幹から分岐した分類群である円口類に属するため、脊椎動物の初期進化を解明する上で重要な動物である。本研究は、蛍光ニッスル染色および抗アセチル化チューブリンの免疫染色を施して透明化した脳をライトシート顕微鏡で観察することでヌタウナギ前脳の細胞体と軸索の立体構造を明らかにし、*in situ* hybridization 法による遺伝子発現データと合わせて脳アトラスを構築することで、ヌタウナギ前脳の立体構造および他の脊椎動物の各脳領域との対応（相同性）を明らかにすることを目的とする。

2021年度では、ヌタウナギ脳および比較のためのヤツメウナギ脳について、蛍光ニッスル染色および抗アセチル化チューブリンの免疫染色を施して透明化した脳をライトシート顕微鏡で撮影した。蛍光ニッスル染色については、適切な画像処理を施せば内部の構造も解析できる程度の可視化ができた。一方、抗アセチル化チューブリンの免疫染色については、脳表面のシグナルしか観察できなかった。これは、抗体が脳内部へ浸透しなかったためだと考えられる。

今後は、得られた蛍光ニッスル染色のデータをもとに3次元再構築を進めつつ、プロトコルの改善により、より良好なデータの取得を試みる予定である。

7. 研究成果発表等の予定

2022年度も研究を継続し、研究成果が得られ次第、査読付き国際誌への投稿を予定している。

8. 備考

(注1) 記入例に沿って所属先機関名、部局名、職名、氏名を記載してください。

(注2) 研究会の場合は参加者リストを別紙(様式任意)として添付してください。

(注3) 共同利用研究分担者及び研究会参加者各位に、(注4)のとおり所属先機関名、部局名、職名、氏名が公開されることのできることを了承してください。情報公開に関する承認が得られなかった場合、承認を得られなかった方の情報は報告書に記載しないようご注意ください。

(注4) 共同利用研究実施報告書は基礎生物学研究所のホームページ(<http://www.nibb.ac.jp/collabo/invite/invite.html>)に公開されます。公開できない内容は省略し、簡潔にご記入ください。

(注5) 1.～4.の情報に誤りがあった場合、担当係にて修正の上、自然科学共同利用・共同研究統括システム(NOUS)(<https://www.nins.jp/site/nous/>)に再アップロードしますのでご了承ください。

基礎生物学研究所長 殿

(報告者)

所属：基礎生物学研究所

初期発生研究部門

氏名：藤森俊彦

下記のとおり実施しましたので報告します。

記

1. 種別 (いずれかをチェック☑してください。)

- ☐ 新規モデル生物開発共同利用研究
- ☐ 個別共同利用研究
- ☐ 統合ゲノミクス共同利用研究
- ☒ 統合イメージング共同利用研究
- ☐ 大型スペクトログラフ共同利用実験
- ☐ 生物遺伝資源新規保存技術開発共同利用研究
- ☐ 研究会
- ☐ トレーニングコース実施

2. 研究課題名

ライトシート顕微鏡による透明化した子宮内の胚の観察

3. 課題番号 (審査結果通知書及び申請書に記載しています。)

21-421

4. 所内対応者

氏名：野中茂紀

(次ページに続く)

5. 共同利用研究分担者 (注1)(注2)(注3)

- ・ 自然科学研究機構基礎生物学研究所初期発生研究部門 特別共同利用研究員 御子柴 誠也
- ・ 自然科学研究機構基礎生物学研究所初期発生研究部門 大学院生 櫻井隼
- ・
- ・

6. 研究成果の概要及び今後の展望

哺乳類の初期発生は母親の子宮内で進み、胚と子宮との相互作用は胚発生において必須である。着床を含むさまざまな発生現象は、胚と子宮との力学的・化学的相互作用により実現されている。しかし、着床後の胚発生において子宮が果たす具体的な役割は、栄養供給以外に関しては明らかになっていない。マウス初期胚では受精後 5.5 日目 (E5.5) に胚の遠位端に一群のマーカータンパク質を発現する遠位臓側内胚葉 (Distal Visceral Endoderm; DVE) と呼ばれる細胞集団が現れ、エピブラストの表面を特定の方​​向に向かって集団で移動し、胚の前後軸が明確になる。DVE の移動先が将来胚の前側となることから、移動方向が前後軸を規定している。しかし、DVE の移動方向が何によって制御されているのかは明らかになっていない。前後軸が確立した E6.5 において子宮の左右軸と胚の前後軸が揃う傾向がみられる。このことから、前後軸形成の過程で胚と子宮が何らかの相互作用をしていることが予想される。本研究ではマウス胚発生において前後軸方向の決定に子宮がどのように関わっているか明らかにすることを目的とする。

申請者らは DVE において特異的に Venus を発現するトランスジェニックマウス胚を固定、透明化することで、子宮内の胚の形態と DVE の局在を既存の手法である連続組織切片の作製よりも高い 3 次元分解能で観察することを計画した。透明化した子宮を観察する顕微鏡として共焦点レーザー顕微鏡・2 光子顕微鏡・ライトシート顕微鏡を比較し、最も S/N 比の高い撮影が可能な顕微鏡を選択することとした。ライトシート顕微鏡で透明化した子宮を観察した結果、対象とする細胞集団の観察が 2 光子顕微鏡で観察した際に比べて各段に優れているということはなく、ライトシート顕微鏡を用いて観察する必然性は明確ではなかった。そのため、今後他の観察条件を検討することとした。

7. 研究成果発表等の予定

得られた成果は論文として発表する。

8. 備考

(注1) 記入例に沿って所属先機関名、部局名、職名、氏名を記載してください。

(注2) 研究会の場合は参加者リストを別紙 (様式任意) として添付してください。

(注3) 共同利用研究分担者及び研究会参加者各位に、(注4) のとおり所属先機関名、部局名、職名、氏名が公開されることのできることを了承してください。情報公開に関する承認が得られなかった場合、承認を得られなかった方の情報は報告書に記載しないようご注意ください。

(注4) 共同利用研究実施報告書は基礎生物学研究所のホームページ (<http://www.nibb.ac.jp/collabo/invite/invite.html>) に公開されます。公開できない内容は省略し、簡潔にご記入ください。

(注5) 1. ～ 4. の情報に誤りがあった場合、担当係にて修正の上、自然科学共同利用・共同研究統括システム(NOUS) (<https://www.nins.jp/site/nous/>) に再アップロードしますのでご了承ください。

基礎生物學研究所共同利用研究実施報告書（ 2021 年度）

2022 年 6 月 2 日

基礎生物學研究所長 殿

（報告者）

所属：徳島大学大学院医歯薬学研究部

氏名：米村 重信

下記のとおり実施しましたので報告します。

記

1. 種別（いずれかをチェック☑してください。）

- ☐ 新規モデル生物開発共同利用研究
- ☐ 個別共同利用研究
- ☐ 統合ゲノミクス共同利用研究
- ☒ 統合イメージング共同利用研究
- ☐ 大型スペクトログラフ共同利用実験
- ☐ 生物遺伝資源新規保存技術開発共同利用研究
- ☐ 研究会
- ☐ トレーニングコース実施

2. 研究課題名

浮遊上皮細胞の集合、球形化における α カテニンの張力感受性の意義の解明

3. 課題番号（審査結果通知書及び申請書に記載しています。）

21-422

4. 所内対応者

氏名： 加藤輝

5. 共同利用研究分担者（注1）（注2）（注3）

（記入例：自然大学大学院工学研究科 准教授 岡崎太郎）

- ・
- ・

6. 研究成果の概要及び今後の展望

接着分子カドヘリンと複合体を作り、接着能に必須である α カテニン分子には張力感受性があり、ある程度以上の張力がかかると分子変形の結果、vinculin というアクチン結合タンパク質と結合するようになる。この張力感受性を変えた変異 α カテニンを作出した。 α カテニンを発現していない上皮細胞株である R2/7 に正常 α カテニンあるいは上記の変異 α カテニンを導入した。それらの細胞が浮遊培養条件で集塊になる際に、正常 α カテニンを発現している場合は、初期形態が細長くても球形化が進むが、張力感受性を過敏にした変異 α カテニンを発現している場合には球形化が阻害されていた。その理由を探るために個々の細胞の核を蛍光ラベルし、浮遊培養での細胞集塊形成時の個々の細胞の挙動を三次元のライブイメージング、その後の画像解析により追跡した。張力感受性が正常であれば、隣接する細胞の動く方向が異なり、長軸方向の長さが縮んで球形化が進むと予想していたが、実際には隣接する細胞は同じ方向に動く傾向が強く、しかも張力感受性の違いに依存していなかった。動画をもう少し引いて見たところ、細胞の球形化はある程度の数の細胞の塊が集団で動く（棒状のものが折れて畳まれる）ように進んでいくことがわかった。このような動きであれば、ほとんどの隣接する細胞の動きが同じ方向であったことにも矛盾しない。張力感受性が過敏で球形化が阻害される変異体の場合、同じ動きは見られ折れたたみが起こるが、それが維持されずに、再び開いてしまうので、結果として球形化に失敗していた。これは折れたたまれた後に、新たな細胞間接着がなかなか作られないという事実から理解できた。 α カテニンは強い力の必要な形態形成ではアクトミオシンの力を細胞間に伝えるのに重要だが、力をあまり必要とせず、細胞間接着のリモデリングが速やかに起こることが必要な細胞の配置換えのようなタイプの形態形成の場合は、結合する vinculin を解離し、リモデリング効率を上げるという調節を行なっていると考えられた。この共同研究の結果によって α カテニンの張力感受性と細胞集塊の球形化がどのような細胞の動きを介して繋がっているのか、理解が深まった。

今後は α カテニンの張力感受性が細胞接着装置の微細形態にどのように関わるのかについて研究を進展させたい。

7. 研究成果発表等の予定

現在、Cell Structure and Function にこの成果を含む研究を投稿中。

8. 備考

(注1) 記入例に沿って所属先機関名、部局名、職名、氏名を記載してください。

(注2) 研究会の場合は参加者リストを別紙（様式任意）として添付してください。

(注3) 共同利用研究分担者及び研究会参加者各位に、(注4) のとおり所属先機関名、部局名、職名、氏名が公開されることの下承を得てください。情報公開に関する承認が得られなかった場合、承認を得ら

れなかった方の情報は報告書に記載しないようご注意ください。

（注４） 共同利用研究実施報告書は基礎生物学研究所のホームページ（<http://www.nibb.ac.jp/collabo/invite/invite.html>）に公開されます。公開できない内容は省略し、簡潔にご記入ください。

（注５） １．～４．の情報に誤りがあった場合、担当係にて修正の上、自然科学共同利用・共同研究統括システム(NOUS)（<https://www.nins.jp/site/nous/>）に再アップロードしますのでご了承ください。

2022 年 5 月 10 日

基礎生物學研究所長 殿

（報告者）

所属：朝日大学歯学部歯科薬理学分野

氏名：設楽彰子

下記のとおり実施しましたので報告します。

記

1. 種別（いずれかをチェック☑してください。）

- ☐ 新規モデル生物開発共同利用研究
- ☐ 個別共同利用研究
- ☐ 統合ゲノミクス共同利用研究
- ☒ 統合イメージング共同利用研究
- ☐ 大型スペクトログラフ共同利用実験
- ☐ 生物遺伝資源新規保存技術開発共同利用研究
- ☐ 研究会
- ☐ トレーニングコース実施

2. 研究課題名

唾液腺細胞の Cdc42 依存性恒常性維持機構に着目した、新規放射線防御機構の解明

3. 課題番号（審査結果通知書及び申請書に記載しています。）

21-423

4. 所内対応者

氏名：亀井 保博

（次ページに続く）

5. 共同利用研究分担者 (注1)(注2)(注3)

(記入例：自然大学大学院工学研究科 准教授 岡崎太郎)

- ・
- ・
- ・
- ・

6. 研究成果の概要及び今後の展望

新型コロナウイルス感染拡大の影響により出張することができず、当初予定していた実験を行えなかった。本研究課題を 2022 年度にも継続して申請することとし、実験内容や今後のスケジュールについて所内対応者である亀井保博准教授との打ち合わせを web 会議で行った。

7. 研究成果発表等の予定

本研究課題を 2022 年度にも継続し、学会等で研究成果を発表する計画である。

8. 備考

(注1) 記入例に沿って所属先機関名、部局名、職名、氏名を記載してください。

(注2) 研究会の場合は参加者リストを別紙(様式任意)として添付してください。

(注3) 共同利用研究分担者及び研究会参加者各位に、(注4)のとおり所属先機関名、部局名、職名、氏名が公開されることのできることを了承してください。情報公開に関する承認が得られなかった場合、承認を得られなかった方の情報は報告書に記載しないようご注意ください。

(注4) 共同利用研究実施報告書は基礎生物学研究所のホームページ(<http://www.nibb.ac.jp/collabo/invite/invite.html>)に公開されます。公開できない内容は省略し、簡潔にご記入ください。

(注5) 1. ～ 4. の情報に誤りがあった場合、担当係にて修正の上、自然科学共同利用・共同研究統括システム(NOUS) (<https://www.nins.jp/site/nous/>)に再アップロードしますのでご了承ください。

2022 年 5 月 27 日

基礎生物学研究所長 殿

（報告者）

所属：東北大学生命科学研究科

氏名：藤本 心太

下記のとおり実施しましたので報告します。

記

1. 種別（いずれかをチェック☑してください。）

- ☐ 新規モデル生物開発共同利用研究
- ☐ 個別共同利用研究
- ☐ 統合ゲノミクス共同利用研究
- ☒ 統合イメージング共同利用研究
- ☐ 大型スペクトログラフ共同利用実験
- ☐ 生物遺伝資源新規保存技術開発共同利用研究
- ☐ 研究会
- ☐ トレーニングコース実施

2. 研究課題名

クマムシ類の感覚器官の機能阻害実験

3. 課題番号（審査結果通知書及び申請書に記載しています。）

21-424

4. 所内対応者

氏名：亀井 保博

（次ページに続く）

5. 共同利用研究分担者 (注1)(注2)(注3)

(記入例：自然大学大学院工学研究科 准教授 岡崎太郎)

- ・
- ・
- ・
- ・

6. 研究成果の概要及び今後の展望

研究課題の第一段階である、クマムシ類の感覚器官の機能を阻害する処置のための最適条件の探索・技術開発を実施する計画であったが、新型コロナウイルスの影響によりこれを実施することができなかった。当初より本研究課題は複数年をかけて遂行する計画であったため、2021 年度実施できなかったことにより計画全体が後ろ倒しになるが、2022 年度以降、研究を加速させることでこの遅れを取り戻せるように取り組んでいきたい。

7. 研究成果発表等の予定

なし

8. 備考

(注1) 記入例に沿って所属先機関名、部局名、職名、氏名を記載してください。

(注2) 研究会の場合は参加者リストを別紙(様式任意)として添付してください。

(注3) 共同利用研究分担者及び研究会参加者各位に、(注4)のとおり所属先機関名、部局名、職名、氏名が公開されることのできることを了承してください。情報公開に関する承認が得られなかった場合、承認を得られなかった方の情報は報告書に記載しないようご注意ください。

(注4) 共同利用研究実施報告書は基礎生物学研究所のホームページ(<http://www.nibb.ac.jp/collabo/invite/invite.html>)に公開されます。公開できない内容は省略し、簡潔にご記入ください。

(注5) 1. ～ 4. の情報に誤りがあった場合、担当係にて修正の上、自然科学共同利用・共同研究統括システム(NOUS) (<https://www.nins.jp/site/nous/>)に再アップロードしますのでご了承ください。

大型スペクトログラフ共同利用実験

- 21-501 光照射が及ぼす渦鞭毛藻類へのウイルス感染の影響評価
中山 奈津子 水産研究・教育機構水産技術研究所
- 21-502 皮膚に発現する光受容体の活性化と細胞応答
山本 博之 日本薬科大学薬学部
- 21-503 遊泳藻類の集団による非対称パターン形成機構の解析
西上 幸範 北海道大学電子科学研究所
- 21-504 植物体内を通して根へ到達した光による微生物共生の活性化
鈴木 章弘 佐賀大学農学部
- 21-505 緑藻ミルの新規フォトレセプターの探索
藤井 律子 大阪市立大学人工光合成研究センター
- 21-506 紫外線単独、ならびに化学物質共存下での 突然変異・DNA 損傷誘起・細胞応答
に関する研究
有元 佐賀恵 岡山大学大学院医歯薬学総合研究科
- 21-507 近赤外線利用型光合成生物における光合成諸活性の波長依存特性
小杉 真貴子 アストロバイオロジーセンター宇宙生命探査プロジェクト室
- 21-508 視運動反応にもとづく野生型と色盲メダカの波長感受性の定量
深町 昌司 日本女子大学理学部
- 21-509 エダアシクラゲ卵形成から産卵までの光制御の機構
立花 和則 東京工業大学生命理工学院
- 21-510 Study of the light-sensing system in symbiotic sea-anemone Aiptasia
Annika Guse Heidelberg University Centre for Organismal Studies Heidelberg
- 21-511 植物間コミュニケーションの可視化
木下 奈都子 筑波大学生命環境系

基礎生物学研究所共同利用研究実施報告書（2021 年度）

2022 年 5 月 31 日

基礎生物学研究所長 殿

（報告者）

所属：国立研究開発法人 水産研究・教育機構
水産技術研究所 廿日市庁舎 環境保全部
有害有毒藻類グループ

氏名：中山奈津子

下記のとおり実施しましたので報告します。

記

1. 種別（いずれかをチェック☑してください。）

- ☐ 新規モデル生物開発共同利用研究
- ☐ 個別共同利用研究
- ☐ 統合ゲノミクス共同利用研究
- ☐ 統合イメージング共同利用研究
- ☒ 大型スペクトログラフ共同利用実験
- ☐ 生物遺伝資源新規保存技術開発共同利用研究
- ☐ 研究会
- ☐ トレーニングコース実施

2. 研究課題名

光照射が及ぼす渦鞭毛藻類へのウイルス感染の影響評価

3. 課題番号（審査結果通知書及び申請書に記載しています。）

21-501

4. 所内対応者

氏名：亀井保博

（次ページに続く）

5. 共同利用研究分担者 (注1)(注2)(注3)

(記入例：自然大学大学院工学研究科 准教授 岡崎太郎)

- ・ 国立研究開発法人 水産研究・教育機構 水産技術研究所 主任研究員 紫加田知幸
- ・

6. 研究成果の概要及び今後の展望

本年度は、コロナウイルス感染拡大を受けて、県外への出張をすることがほとんどできなかったため、貴研究所において大型スペクトログラフを用いた実験は実施できなかった。したがって今年度は、これまでに得られたデータの解析法の検討や、今後の研究計画について検討した。また、試験に用いる株の再検討や維持法の検討を行い、貴研究所で顕微鏡観察 (SP8 LIGHTNING 共焦点顕微鏡(Leica)) や研究打ち合わせを行うなど、次年度研究の準備を行った。また、並行して予備試験的に行った UV 照射実験時のカレニアの核崩壊過程の観察についてまとめた。

これまでの結果から、Km RNAV3 は感染力が非常に強いため、320, 360nm 照射区において KmUW3 細胞の死滅速度は高かったものの、他の照射区でも細胞密度の減少とウイルスの増殖が認められた。従って、細胞密度の減少にどのくらい Km RNAV3 が関わっているかについては、これまでの結果からは明らかになっていない。ウイルスの感染過程は種によっては単純でないこともあり、今後、ターゲットを絞った試験を実施し、知見を蓄積していく必要である。また、細胞死の判定を顕微鏡下で行うことが難しいため、これまで、ウイルスによる感染死について、予備試験的に核の崩壊過程を蛍光顕微鏡で観察した。それによる、ウイルス感染を受けたカレニア細胞の核は1日目や2日目から一部崩壊が認められ、4日目ではほとんど全崩壊している細胞も認められた。今後は、本目的の試験の実施に加えて、核のサイズの数値化または核酸量を定量するなど、ウイルス感染によるカレニア細胞の死を定量化する手法も開発したいと考えている。

7. 研究成果発表等の予定

なし

8. 備考

(注1) 記入例に沿って所属先機関名、部局名、職名、氏名を記載してください。

(注2) 研究会の場合は参加者リストを別紙(様式任意)として添付してください。

(注3) 共同利用研究分担者及び研究会参加者各位に、(注4)のとおり所属先機関名、部局名、職名、氏名が公開されることのできることを了承してください。情報公開に関する承認が得られなかった場合、承認を得られなかった方の情報は報告書に記載しないようご注意ください。

(注4) 共同利用研究実施報告書は基礎生物学研究所のホームページ (<http://www.nibb.ac.jp/collabo/invite/invite.html>) に公開されます。公開できない内容は省略し、簡潔にご記入ください。

(注5) 1. ～ 4. の情報に誤りがあった場合、担当係にて修正の上、自然科学共同利用・共同研究統括システム(NOUS) (<https://www.nins.jp/site/nous/>) に再アップロードしますのでご了承ください。

基礎生物學研究所長 殿

（報告者）

所属：日本薬科大学

氏名：山本博之

下記のとおり実施しましたので報告します。

記

1. 種別（いずれかをチェック☑してください。）

- ☐ 新規モデル生物開発共同利用研究
- ☐ 個別共同利用研究
- ☐ 統合ゲノミクス共同利用研究
- ☐ 統合イメージング共同利用研究
- ☒ 大型スペクトログラフ共同利用実験
- ☐ 生物遺伝資源新規保存技術開発共同利用研究
- ☐ 研究会
- ☐ トレーニングコース実施

2. 研究課題名

皮膚に発現する光受容体の活性化と細胞応答

3. 課題番号（審査結果通知書及び申請書に記載しています。）

21-502

4. 所内対応者

氏名：

総合研究大学院大学 生命科学研究科 基礎生物学専攻 准教授 亀井 保博 先生

（次ページに続く）

5. 共同利用研究分担者 (注1)(注2)(注3)

・なし

6. 研究成果の概要及び今後の展望

非視覚細胞における光線曝露後の細胞応答について評価を行った。

我々はこれまでに皮膚の角化細胞や線維芽細胞などの非視覚細胞に光受容体が発現することおよび光受容体の活性維持に必要な視サイクルに関わる酵素が発現していることを明らかにしている。そこで、光線曝露後に視サイクルの代謝分子の変動を評価することにより、①皮膚においても光線を認識して細胞内応答が起こっているのか？を明らかにすること、また、②細胞に曝露する波長を限定することで、細胞が応答する波長を決定することを目的とした。

その結果、①350-850 nm の波長を含む光線で角化細胞を曝露すると、視サイクルに関わるレチナール代謝産物が経時的に変動することが確認されたことから角化細胞が光線を受けて光受容体が活性化されることと視サイクルが角化細胞内で機能していることが示された。そこで現在、②細胞の応答する波長を決定するために大型スペクトログラフを利用して単色の波長で角化細胞を曝露した時のレチノール代謝産物の解析を進めている。しかしながら、検出されるシグナルが弱いことや試料ごとにばらつきが大きいことから予定通りに進んでいないため、サンプル数を増やして平均することでばらつきの標準化を試みる。

また、光線曝露後に発現が変化するタンパク質を探索し、細胞内シグナル伝達や細胞骨格などのタンパク質を同定しており、光受容体によるタンパク質発現への関与について解析を進める。

7. 研究成果発表等の予定

8. 備考

(注1) 記入例に沿って所属先機関名、部局名、職名、氏名を記載してください。

(注2) 研究会の場合は参加者リストを別紙(様式任意)として添付してください。

(注3) 共同利用研究分担者及び研究会参加者各位に、(注4)のとおり所属先機関名、部局名、職名、氏名が公開されることのできることを得てください。情報公開に関する承認が得られなかった場合、承認を得られなかった方の情報は報告書に記載しないようご注意ください。

(注4) 共同利用研究実施報告書は基礎生物学研究所のホームページ(<http://www.nibb.ac.jp/collabo/invite/invite.html>)に公開されます。公開できない内容は省略し、簡潔にご記入ください。

(注5) 1. ～ 4. の情報に誤りがあった場合、担当係にて修正の上、自然科学共同利用・共同研究統

括システム(NOUS) (<https://www.nins.jp/site/nous/>)に再アップロードしますのでご了承ください。

2022年5月31日

基礎生物学研究所長 殿

（報告者）

所属：北海道大学電子科学研究所

氏名：西上 幸範

下記のとおり実施しましたので報告します。

記

1. 種別（いずれかをチェック☑してください。）

- ☐ 新規モデル生物開発共同利用研究
- ☐ 個別共同利用研究
- ☐ 統合ゲノミクス共同利用研究
- ☐ 統合イメージング共同利用研究
- ☒ 大型スペクトログラフ共同利用実験
- ☐ 生物遺伝資源新規保存技術開発共同利用研究
- ☐ 研究会
- ☐ トレーニングコース実施

2. 研究課題名

遊泳藻類の集団による非対称パターン形成機構の解析

3. 課題番号（審査結果通知書及び申請書に記載しています。）

21-503

4. 所内対応者

氏名：亀井 保博

（次ページに続く）

5. 共同利用研究分担者 (注1)(注2)(注3)

(記入例：自然大学大学院工学研究科 准教授 岡崎太郎)

- ・北海道大学電子科学研究所 准教授 佐藤勝彦

6. 研究成果の概要及び今後の展望

単細胞、多細胞を問わず、多くの細胞が集団になると単一細胞では実現できない行動を行うことが報告されている。遊泳微細藻類の一種であるクラミドモナスは長くモデル生物として利用されてきており、その集団での挙動も調べられてきた。一方、我々は特殊な光照射方法を用いることでこれまで調べられていない新規の集団運動を発見している。本研究ではこの行動と光の波長の関係を調べる予定であったが COVID-19 の影響で期間中に基礎生物学研究所に滞在して研究することは実現しなかった。そこで、平行光照射装置であるホロライトを貸し出して頂き、所属研究室で予備的な実験を行った。青、赤、緑色の光を照射してそれぞれを照射した際の行動変化を調べた結果、そのいずれでもこれまで見られていた行動が確認された。今後は、光強度を綿密に制御した状況で実験を行う必要がある。

7. 研究成果発表等の予定

これらの結果は、今後データが出次第、国際論文誌に原著論文として提出予定である。

8. 備考

(注1) 記入例に沿って所属先機関名、部局名、職名、氏名を記載してください。

(注2) 研究会の場合は参加者リストを別紙(様式任意)として添付してください。

(注3) 共同利用研究分担者及び研究会参加者各位に、(注4)のとおり所属先機関名、部局名、職名、氏名が公開されることの下承を得てください。情報公開に関する承認が得られなかった場合、承認を得られなかった方の情報は報告書に記載しないようご注意ください。

(注4) 共同利用研究実施報告書は基礎生物学研究所のホームページ(<http://www.nibb.ac.jp/collabo/invite/invite.html>)に公開されます。公開できない内容は省略し、簡潔にご記入ください。

(注5) 1. ～ 4. の情報に誤りがあった場合、担当係にて修正の上、自然科学共同利用・共同研究統括システム(NOUS) (<https://www.nins.jp/site/nous/>)に再アップロードしますのでご了承ください。

2022 年 5 月 27 日

基礎生物学研究所長 殿

（報告者）

所属：佐賀大学農学部

氏名：鈴木章弘

下記のとおり実施しましたので報告します。

記

1. 種別（いずれかをチェック☑してください。）

- ☐ 新規モデル生物開発共同利用研究
- ☐ 個別共同利用研究
- ☐ 統合ゲノミクス共同利用研究
- ☐ 統合イメージング共同利用研究
- ☒ 大型スペクトログラフ共同利用実験
- ☐ 生物遺伝資源新規保存技術開発共同利用研究
- ☐ 研究会
- ☐ トレーニングコース実施

2. 研究課題名

植物体内を通して根へ到達した光による微生物共生の活性化

3. 課題番号（審査結果通知書及び申請書に記載しています。）

21-504

4. 所内対応者

氏名：亀井保博 特任准教授

（次ページに続く）

5. 共同利用研究分担者 (注1)(注2)(注3)

(記入例：自然大学大学院工学研究科 准教授 岡崎太郎)

・佐賀大学大学院農学研究科 修士2年 岡田朋憲

6. 研究成果の概要及び今後の展望

高等植物の地上部へ照射された光のうち700～910 nmの光が茎の中を通過して根まで伝達され、その光の一部は根から放射されることが知られている。それを受けて「土中の根から発せられる光に菌根菌が応答し共生が活性化される」という仮説を立て、それを証明するための研究を推進している。本年度は、菌根菌 (*Rhizophagus irregularis*) を前培養して活性の高い孢子を選抜し、それに対して大型スペクトログラフを用いて700～910 nmの光を照射して菌糸の伸張や分岐などの応答を調査する経過であった。しかし、2021年度の終盤から菌根菌の光照射に対する応答が安定しない状態が継続していた。そこで、大型スペクトログラフを用いた照射実験を一旦中断して、佐賀大学において菌根菌の応答が今まで確認できている730 nmの光を照射して、菌根菌を塗布する培地の組成の再検討をおこなった。その結果、従来使用してきたM培地へミリスチン酸を添加することによって菌根菌の応答が安定することを見出した。この結果が得られたのが2021年の12月頃であり、その後2021年度内に大型スペクトログラフを用いた照射実験を計画したが、予定がつかずに断念せざるを得なかった。

2022年度は大型スペクトログラフを用いた共同研究の申請に間に合わなかったため、2022年度6月以降に新たに申請を行い、可能であれば照射実験を行いたいと考えている。

7. 研究成果発表等の予定

菌根菌の菌糸分岐や伸長を正に制御する光の波長や強さ等を明らかにできれば、関係学会等で発表するとともに、速やかに学術論文として公表する予定である。

8. 備考

(注1) 記入例に沿って所属先機関名、部局名、職名、氏名を記載してください。

(注2) 研究会の場合は参加者リストを別紙(様式任意)として添付してください。

(注3) 共同利用研究分担者及び研究会参加者各位に、(注4)のとおり所属先機関名、部局名、職名、氏名が公開されることのできることを了承してください。情報公開に関する承認が得られなかった場合、承認を得られなかった方の情報は報告書に記載しないようご注意ください。

(注4) 共同利用研究実施報告書は基礎生物学研究所のホームページ (<http://www.nibb.ac.jp/collabo/invite/invite.html>) に公開されます。公開できない内容は省略し、簡潔にご記入ください。

(注5) 1. ～4. の情報に誤りがあった場合、担当係にて修正の上、自然科学共同利用・共同研究統括システム(NOUS) (<https://www.nins.jp/site/nous/>) に再アップロードしますのでご了承ください。

2022 年 4 月 28 日

基礎生物学研究所長 殿

（報告者）

所属：大阪公立大学

人工光合成研究センター

氏名：藤井律子

下記のとおり実施しましたので報告します。

記

1. 種別（いずれかをチェック☑してください。）

- ☐ 新規モデル生物開発共同利用研究
- ☐ 個別共同利用研究
- ☐ 統合ゲノミクス共同利用研究
- ☐ 統合イメージング共同利用研究
- ☒ 大型スペクトログラフ共同利用実験
- ☐ 生物遺伝資源新規保存技術開発共同利用研究
- ☐ 研究会
- ☐ トレーニングコース実施

2. 研究課題名

緑藻ミルの新規フォトレセプターの探索

3. 課題番号（審査結果通知書及び申請書に記載しています。）

21-505

4. 所内対応者

氏名：亀井 保博

（次ページに続く）

5. 共同利用研究分担者 (注1)(注2)(注3)

(記入例：自然大学大学院工学研究科 准教授 岡崎太郎)

- ・大阪市立大学 大学院理学研究科 D1 関莊一郎
- ・大阪府立大学 大学院理学系研究科 准教授 竹田恵美

6. 研究成果の概要及び今後の展望

海洋性緑藻ミルは、白色の強光から緑色の弱光まで大きく変動する光環境で繁茂する代表的なシフォナス緑藻である。シフォナス緑藻はシフォナキサンチンという独特のカルボニルカロテノイドを結合した光合成アンテナを持ち、緑色光を高効率で光合成に利用する一方で、浅瀬における白色強光への耐性も併せ持つと考えられてきた。我々は、実験室内で育成しているミルの光環境だけを変化させることにより、青緑色光で特異的にシフォナキサンチンの生合成が阻害され、中間体である新規なデオキシ体を蓄積すること、またこれらのカロテノイドが光合成アンテナタンパク質に結合していることを発見した[業績 1, 2]。ここで青緑色光に応答して阻害された生合成反応は、ルテインの 19 メチル基をヒドロキシメチル基に変換する反応であり、その生成物であるロロキサンチンは、緑藻に広く蓄積することが知られているが、その光応答の詳細は調べられていない。そこで我々は、豊富な研究リソースを有するモデル緑藻であるクラミドモナスを用いて、青色の強い光に応答するロロキサンチンの蓄積挙動を明らかにし、RNA-seq の発現比較解析を実施した。発現パターンとゲノム情報を照らし合わせることにより、ロロキサンチン生合成遺伝子の候補遺伝子を複数推定した。さらにこれらの遺伝子の欠損株を購入してロロキサンチンの蓄積挙動の光応答を調査したが、ロロキサンチンの生合成は阻害されていなかった。ゲノムの中には候補遺伝子と相同性の高い配列も存在するため、複数の遺伝子が同じ機能を持つ可能性が高いと考えられた。そこで、候補遺伝子をアグロバクテリウムに組み込み、ルテインを高蓄積するベンザミアナタバコに感染させてこの遺伝子を局所発現させる実験を試みている。ここで遺伝子が発現し、ロロキサンチンが蓄積すれば、候補遺伝子はロロキサンチン生合成能力を持つことが示されると期待できる。今後、光との関連を明確にするために、大型スペクトログラフを用いた光照射におけるこれらの候補遺伝子及び光受容体の発現量をリアルタイム PCR 等で追跡する計画である。

7. 研究成果発表等の予定

本研究のベースとなる研究については、下記の業績 1,2 で発表した。

1. Soichiro Seki, Yumiko Yamano, Naohiro Oka, Yasuhiro Kamei, Ritsuko Fujii*, "Discovery of a novel siphonaxanthin biosynthetic precursor in *Codium fragile* that accumulates only by exposure to blue-green light", John Wiley & Sons, Inc. / FEBS Letters, 2022 (in press)
2. Soichiro Seki, Yumiko Yamano, **Ritsuko Fujii***, "Discovery of a new siphonaxanthin biosynthetic precursor: Structure and its coupling to photosynthetic antenna", 1st Virtual International Conference on Carotenoid (VICC 2021), (on line), 2021, 0622-25 * outstanding presentation award を受賞

本研究については、下記の 3, 4 で学会発表を予定している。

3. 第 39 回日本植物バイオテクノロジー学会 (堺) 大会 (2022 年 9 月大阪公立大学)

4. 第34回カロテノイド 研究談話会（2022年9月関西学院大学）

8. 備考

（注1） 記入例に沿って所属先機関名、部局名、職名、氏名を記載してください。

（注2） 研究会の場合は参加者リストを別紙（様式任意）として添付してください。

（注3） 共同利用研究分担者及び研究会参加者各位に、（注4）のとおり所属先機関名、部局名、職名、氏名が公開されることので了承を得てください。情報公開に関する承認が得られなかった場合、承認を得られなかった方の情報は報告書に記載しないようご注意ください。

（注4） 共同利用研究実施報告書は基礎生物学研究所のホームページ（<http://www.nibb.ac.jp/collabo/invite/invite.html>）に公開されます。公開できない内容は省略し、簡潔にご記入ください。

（注5） 1. ～ 4. の情報に誤りがあった場合、担当係にて修正の上、自然科学共同利用・共同研究統括システム(NOUS)（<https://www.nins.jp/site/nous/>）に再アップロードしますのでご了承ください。

基礎生物學研究所共同利用研究実施報告書（2021 年度）

令和 4 年 5 月 10 日

基礎生物學研究所長 殿

（報告者）

所属： 岡山大学

氏名： 有元 佐賀恵

下記のとおり実施しましたので報告します。

記

1. 種別（いずれかをチェック☑してください。）

- ☐ 新規モデル生物開発共同利用研究
- ☐ 個別共同利用研究
- ☐ 統合ゲノミクス共同利用研究
- ☐ 統合イメージング共同利用研究
- ☒ 大型スペクトログラフ共同利用実験
- ☐ 生物遺伝資源新規保存技術開発共同利用研究
- ☐ 研究会
- ☐ トレーニングコース実施

2. 研究課題名

紫外線単独、ならびに化学物質共存下での 突然変異・DNA 損傷誘起・細胞応答に関する研究

3. 課題番号（審査結果通知書及び申請書に記載しています。）

21-506

4. 所内対応者

氏名： 亀井 保博

（次ページに続く）

5. 共同利用研究分担者 (注1)(注2)(注3)

(記入例：自然大学大学院工学研究科 准教授 岡崎太郎)

- ・岡山大学大学院医歯薬学総合研究科 1年 花木佑輔
- ・
- ・

6. 研究成果の概要及び今後の展望

これまでの研究に引き続き、N-ニトロソ化合物の光活性化による DNA 障害を解析し、ヒト由来皮膚培養細胞への遺伝子損傷や光活性化ニトロソアミンによるマウス個体への遺伝毒性、光変異原性の波長特性を調べることを目的に研究を行った。N-ニトロソピロリジン (NPYR) は、N-ニトロソプロリンの脱炭酸で生じる変異原性発癌物質で、生体内で生じること、CYP で代謝活性化してから DNA と反応することが知られている。しかし、当研究室では、NPYR は代謝酵素がなくても光活性化して変異原性を示すことを見出した。今回、UVA 照射後の NPYR 光活性化体の安定性を調べた。その結果、中性では数日単位で遺伝毒性を保つことがわかった。NPYR 光活性化体をマウスに腹腔内投与し、24, 48 時間後の末梢血小核形成を調べたところ、有意に小核形成が増加した。1-Aminobenzotriazole (ABT) をマウスに前投与してマウス自体の代謝活性化能を抑制した場合でも、NPYR は UVA による光活性化があれば、マウス体内で遺伝毒性を示すことがわかった。NPYR の小核誘発率の波長依存性は、NPYR の UV 吸収スペクトルと概ね一致し、最も小核形成を示した波長は NPYR の吸収極大と一致していた。従って、腹腔内投与した NPYR の光活性化体が、骨髓の造血幹細胞まで体内輸送され、その間、遺伝毒性活性を保ち、造血幹細胞に作用して小核形成という遺伝毒性を示したと考えられる。同様に環境汚染物質で変異原性発癌物質である N-ニトロソモルホリン (NMOR) も、光活性化体が、培養ヒト表皮角化細胞 HaCaT に対する遺伝毒性を示すことがわかった。また、NMOR の UVA 光活性化体をマウスに腹腔内投与したところ、骨髓の血液幹細胞に in vivo 遺伝毒性を及ぼして、末梢血小核を増やすことが分かった。

7. 研究成果発表等の予定

学会発表

1. 有元佐賀恵、望月晴菜、長澤由香莉：UVA 活性化 N-ニトロソモルホリンの in vitro&in vivo 遺伝毒性：第 43 回日本光医学・光生物学会 2021 年 7 月 2-3 日 (大阪) オンライン
2. 長澤由香莉、望月晴菜、有元佐賀恵：UVA で活性化した N-ニトロソモルホリンの遺伝毒性：第 60 回日本薬学会・日本薬剤師会・日本病院薬剤師会中国四国支部学術大会 2021 年 10 月 23 日 (土)・24 (日) 松山市 オンライン
3. 花木 佑輔、妹尾 詠美、有元佐賀恵：N-ニトロソピロリジンの UVA 光活性化による光変異原性と光遺伝毒性：第 60 回日本薬学会・日本薬剤師会・日本病院薬剤師会中国四国支部学術大会 2021 年 10 月 23 日 (土)・24 (日) 松山市 オンライン
4. 有元 佐賀恵、花木 佑輔、妹尾 詠美：UVA 照射後の N-ニトロソピロリジン活性化体の変異原性安定性と in vivo 遺伝毒性：第 44 回日本光医学・光生物学会 2022 年 6 月

8. 備考

（注 1） 記入例に沿って所属先機関名、部局名、職名、氏名を記載してください。

（注 2） 研究会の場合は参加者リストを別紙（様式任意）として添付してください。

（注 3） 共同利用研究分担者及び研究会参加者各位に、（注 4）のとおり所属先機関名、部局名、職名、氏名が公開されることので了承を得てください。情報公開に関する承認が得られなかった場合、承認を得られなかった方の情報は報告書に記載しないようご注意ください。

（注 4） 共同利用研究実施報告書は基礎生物学研究所のホームページ（<http://www.nibb.ac.jp/collabo/invite/invite.html>）に公開されます。公開できない内容は省略し、簡潔にご記入ください。

（注 5） 1. ～ 4. の情報に誤りがあった場合、担当係にて修正の上、自然科学共同利用・共同研究統括システム(NOUS)（<https://www.nins.jp/site/nous/>）に再アップロードしますのでご了承ください。

基礎生物学研究所長 殿

（報告者）

所属：基礎生物学研究所

環境光生物学研究部門

氏名：小杉真貴子

下記のとおり実施しましたので報告します。

記

1. 種別（いずれかをチェック☑してください。）

- ☐ 新規モデル生物開発共同利用研究
- ☐ 個別共同利用研究
- ☐ 統合ゲノミクス共同利用研究
- ☐ 統合イメージング共同利用研究
- ☒ 大型スペクトログラフ共同利用実験
- ☐ 生物遺伝資源新規保存技術開発共同利用研究
- ☐ 研究会
- ☐ トレーニングコース実施

2. 研究課題名

近赤外線利用型光合成生物における光合成諸活性の波長依存特性

3. 課題番号（審査結果通知書及び申請書に記載しています。）

21-507

4. 所内対応者

氏名： 亀井 保博 准教授

（次ページに続く）

5. 共同利用研究分担者 (注1)(注2)(注3)

(記入例：自然大学大学院工学研究科 准教授 岡崎太郎)

- ・
- ・
- ・
- ・

6. 研究成果の概要及び今後の展望

大型スペクトログラフを用いて Chl *d* を結合する Far-red 光利用型藍藻の酸素発生活性の活性スペクトルを測定した。酸素発生活性は光化学系 II の活性に依存するが、活性のピーク波長は光化学系 II の吸収ピーク波長より短波長側の 710 nm 付近であった。光合成活性が確認できた最長波長は 750 nm で、光化学系 II 反応中心のエネルギーレベルである 720 nm より 30 nm ほど長波長の光まで利用できることが分かった。また、Chl *a* を結合する一般的な藍藻に比べて飽和光強度が低く、強光条件で光合成活性の低下を起こしやすかった。アンテナ系が一般の藍藻と異なっているため、光の分配調節や光阻害耐性が不十分である可能性がある。今後、長波長光が卓越する弱光環境に適応する過程で起きた光合成システムの変化とその利点について明らかにしていく。

7. 研究成果発表等の予定

本研究の内容は、実験に用いた藍藻の光合成特性に関する論文に記載する。発表時期は未定である。

8. 備考

(注1) 記入例に沿って所属先機関名、部局名、職名、氏名を記載してください。

(注2) 研究会の場合は参加者リストを別紙(様式任意)として添付してください。

(注3) 共同利用研究分担者及び研究会参加者各位に、(注4)のとおり所属先機関名、部局名、職名、氏名が公開されることのできることを了承してください。情報公開に関する承認が得られなかった場合、承認を得られなかった方の情報は報告書に記載しないようご注意ください。

(注4) 共同利用研究実施報告書は基礎生物学研究所のホームページ(<http://www.nibb.ac.jp/collabo/invite/invite.html>)に公開されます。公開できない内容は省略し、簡潔にご記入ください。

(注5) 1. ～ 4. の情報に誤りがあった場合、担当係にて修正の上、自然科学共同利用・共同研究統括システム(NOUS) (<https://www.nins.jp/site/nous/>)に再アップロードしますのでご了承ください。

2022 年 5 月 2 日

基礎生物学研究所長 殿

（報告者）

所属：日本女子大学

氏名：深町昌司

下記のとおり実施しましたので報告します。

記

1. 種別（いずれかをチェック☑してください。）

- ☐ 新規モデル生物開発共同利用研究
- ☐ 個別共同利用研究
- ☐ 統合ゲノミクス共同利用研究
- ☐ 統合イメージング共同利用研究
- ☒ 大型スペクトログラフ共同利用実験
- ☐ 生物遺伝資源新規保存技術開発共同利用研究
- ☐ 研究会
- ☐ トレーニングコース実施

2. 研究課題名

視運動反応にもとづく野生型と色盲メダカの波長感受性の定量

3. 課題番号（審査結果通知書及び申請書に記載しています。）

21-508

4. 所内対応者

氏名：亀井保博

（次ページに続く）

5. 共同利用研究分担者 (注1)(注2)(注3)

6. 研究成果の概要及び今後の展望

本年度は視運動反応試験自体は行わず、光学解析室が所有する光量子計を用いて、視運動反応試験時の光量子密度を測定した。紫外線域における視運動反応試験は、大型スペクトログラフの大出力が仇となり、光量子密度を下げたり、蛍光や迷光を抑えたりすることに長年腐心してきた。幸い、自然科学研究機構分野融合型共同研究事業の予算で小型の紫外線照射装置を購入することができ、野生メダカと紫色盲メダカの紫外線感受性に差が無いことを示すことができたと考えている。現在論文を執筆中であり、近日中に本研究の成果として公表できる予定である。

また、前年度までに行ったメダカ以外の魚種の視運動反応試験の結果をまとめて、Royal Society Open Science 誌に公表した (Matsuo et al. 2021)。

引き続き二重、三重、四重色盲系統を作出中であり、完成次第、順次視運動反応を行なって波長感受性を調べたいと考えている。

7. 研究成果発表等の予定

上述の研究成果は、他の成果とまとめて論文を執筆中であり、今年度中には公表できると考えている。

8. 備考

(注1) 記入例に沿って所属先機関名、部局名、職名、氏名を記載してください。

(注2) 研究会の場合は参加者リストを別紙(様式任意)として添付してください。

(注3) 共同利用研究分担者及び研究会参加者各位に、(注4)のとおり所属先機関名、部局名、職名、氏名が公開されることのできることを了承してください。情報公開に関する承認が得られなかった場合、承認を得られなかった方の情報は報告書に記載しないようご注意ください。

(注4) 共同利用研究実施報告書は基礎生物学研究所のホームページ (<http://www.nibb.ac.jp/collabo/invite/invite.html>) に公開されます。公開できない内容は省略し、簡潔にご記入ください。

(注5) 1. ～ 4. の情報に誤りがあった場合、担当係にて修正の上、自然科学共同利用・共同研究統括システム(NOUS) (<https://www.nins.jp/site/nous/>) に再アップロードしますのでご了承ください。

基礎生物学研究所共同利用研究実施報告書（2021 年度）

2022 年 5 月 31 日

基礎生物学研究所長 殿

（報告者）

所属：東京工業大学

氏名：立花和則

下記のとおり実施しましたので報告します。

記

1. 種別（いずれかをチェック☑してください。）

- ☐ 新規モデル生物開発共同利用研究
- ☐ 個別共同利用研究
- ☐ 統合ゲノミクス共同利用研究
- ☐ 統合イメージング共同利用研究
- ☒ 大型スペクトログラフ共同利用実験
- ☐ 生物遺伝資源新規保存技術開発共同利用研究
- ☐ 研究会
- ☐ トレーニングコース実施

2. 研究課題名

エダアシクラゲ卵形成から産卵までの光制御の機構

3. 課題番号（審査結果通知書及び申請書に記載しています。）

21-509

4. 所内対応者

氏名：亀井 保博

（次ページに続く）

5. 共同利用研究分担者 (注1)(注2)(注3)

(記入例：自然大学大学院工学研究科 准教授 岡崎太郎)

- ・
- ・
- ・
- ・

6. 研究成果の概要及び今後の展望

配偶行動や産卵は光周期に依存することが多い。そこで、本研究では、エダアシクラゲをモデルとして、サーカディアンリズムや、それをリセットする光刺激などの要因がどのようにクラゲの行動に影響するかを明らかにしようと試みた。その結果、エダアシクラゲの系統により特徴のある行動が観察された。このことは系統により遺伝的に決まった生得的な行動がエダアシクラゲに存在することを示しており、行動解析が今後は遺伝子レベルでおこなうことができるようになることを期待され、産卵行動のみでなく、睡眠などの行動の遺伝的解明を目指す。

7. 研究成果発表等の予定

日本動物学会大会などでの発表を計画している。

8. 備考

コロナ禍で実際に基礎生物学研究所に出張できなかったため、大型スペクトログラフで行うべき実験をすることができていない。

(注1) 記入例に沿って所属先機関名、部局名、職名、氏名を記載してください。

(注2) 研究会の場合は参加者リストを別紙(様式任意)として添付してください。

(注3) 共同利用研究分担者及び研究会参加者各位に、(注4)のとおり所属先機関名、部局名、職名、氏名が公開されることのできることを了承してください。情報公開に関する承認が得られなかった場合、承認を得られなかった方の情報は報告書に記載しないようご注意ください。

(注4) 共同利用研究実施報告書は基礎生物学研究所のホームページ(<http://www.nibb.ac.jp/collabo/invite/invite.html>)に公開されます。公開できない内容は省略し、簡潔にご記入ください。

(注5) 1.～4.の情報に誤りがあった場合、担当係にて修正の上、自然科学共同利用・共同研究統括システム(NOUS) (<https://www.nins.jp/site/nous/>)に再アップロードしますのでご了承ください。

Research Report
Collaborative Research at the National Institute for Basic Biology (NIBB)
Fiscal year 2021

Date (31/05/2022)

To Director General of NIBB

(Representative / Principal Investigator)

Name : Prof. Dr. Annika Guse

Institution : COS Heidelberg

The Collaborative Research Report is as follows:

1. Category (Please select one.)

- ☐ Collaborative research projects for new model organism development
- ☐ Individual collaborative research projects
- ☐ Collaborative research projects for integrative genomics
- ☐ Collaborative research projects for integrative bioimaging
- ☒ Collaborative experiments using the Large Spectrograph
- ☐ Collaborative research projects for bioresource preservation technology development
- ☐ NIBB workshops
- ☐ Support for NIBB training courses

2. Research project title

Study of the light-sensing system in symbiotic sea-anemone Aiptasia

3. Project number (This information is listed in both the notification of examination results and the application form.)

21-510

4. Host researcher

Name : KAMEI, Yasuhiro

(Continue to the next page.)

5. Researchers in your research group ^{(*1),(*2),(*3)}

(For example: Taro Shizen / Okazaki University Graduate School of Engineering Assistant professor)

- GUSE, Annika / COS Heidelberg
- KISHIMOTO, Mariko / NIBB

- UENO, Naoto / NIBB
- GORNIK, Sebastian / COS Heidelberg
- TERAOKITA, Akihisa / Osaka Metropolitan University
- SAKAI, Yusuke / Osaka Metropolitan University

6. Outline of research results and future prospects

In this project, we use the sea anemone *Aiptasia* as a model system to investigate the function of non-visual photoreceptors in symbiotic cnidarians. Specifically, we focus on the conserved opsin photoreceptors and their role for environmental adaptation. Understanding how symbiotic cnidarians perceive light to synchronize sexual reproduction, physiology and behavior will provide us with key insights into its evolution and ecology; a prerequisite to combat the decline of corals through climate change which threatens reef ecosystems worldwide.

To date, we successfully cloned 12/18 *Aiptasia* opsins into distinct vectors including three symbiosis-specific ones for functional analysis. With the technical supports from Dr. Akihisa Terakita and Dr. Yusuke Sakai at Osaka Metropolitan University, we conducted cell-based assays to monitor light-dependent induction of cAMP and Calcium signaling. We then experimentally determined the specific absorbance wavelength for the three distinct symbiosis-specific opsins and are currently working on deciphering the wavelength specificity of the remaining opsins. To complement this data set, we carried out experiments assessing the effect of blue light on anemone behavior in parallel. Here, we found that symbiotic anemones display negative phototaxis in response to blue light exposure while aposymbiotic anemones do not. Together, our results provide important new insight into the mechanism of light-perception, the basis for working towards a better understanding of the molecular underpinnings of light sensing in cnidarians and how this is used to regulate animal physiology and behaviour.

To approach the mechanisms of blue light sensing from different angles, carried out collaborative experiments with the Spectrography and Bioimaging Center at NIBB to precisely determine which wavelengths within the blue light spectrum are required to induce anemone spawning. However, due to technical challenges further optimization is needed. In this context, we also carried out RNA-sequencing of previously obtained *Aiptasia* samples from different time points throughout the spawning period. We are currently analyzing the data set to determine at the

transcriptional level which genes are expressed in response to blue light exposure and, more broadly, during the day and the night. Finally, we also explore transcriptomic approaches by establishing a novel single-cell transcriptomic method for symbiotic Aiptasia in collaboration with the Genomic Sequencing Facility at NIBB.

7. Publications or publication plan

Currently, we are preparing a manuscript to disseminate our observations on light-dependent behavior in Aiptasia. Moreover, we are planning for a second publication focusing on the analysis of gene expression patterns in response to circadian light rhythms and simulated moon light.

8. Remarks, if necessary

NOTE:

- (*1) Please provide collaborative researchers' names, institutions, departments and job titles.
- (*2) If you conducted a NIBB workshop, please attach a list of participants as an attachment (Any format is acceptable.)
- (*3) Please obtain approval from each of the collaborative researchers or workshop participants that their name, institution, department, and job title will be disclosed online as described in (Note *4). If you cannot the gain consent, please do not include the name of that collaborative researcher or NIBB workshop participant in this report.
- (*4) Please note that this report will be published on the NIBB website. Concisely describe contents that can be opened online. (<http://www.nibb.ac.jp/collabo/invite/invite.html>)
- (*5) Please note that if there is an error in any of the four items (Category, Research project title, Project number, or Host researcher), the department in charge will correct the error and re-upload the report to the NINS Open Use System (NOUS), an online management system for Collaborative Research Projects. (<https://www.nins.jp/site/nous/>).

2022 年 5 月 28 日

基礎生物学研究所長 殿

（報告者）

所属：筑波大学

氏名：木下 奈都子

下記のとおり実施しましたので報告します。

記

1. 種別（いずれかをチェック☑してください。）

- ☐ 新規モデル生物開発共同利用研究
- ☐ 個別共同利用研究
- ☐ 統合ゲノミクス共同利用研究
- ☐ 統合イメージング共同利用研究
- ☒ 大型スペクトログラフ共同利用実験
- ☐ 生物遺伝資源新規保存技術開発共同利用研究
- ☐ 研究会
- ☐ トレーニングコース実施

2. 研究課題名

植物間コミュニケーションの可視化

3. 課題番号（審査結果通知書及び申請書に記載しています。）

21-511

4. 所内対応者

氏名：亀井 保博

（次ページに続く）

5. 共同利用研究分担者 (注1) (注2) (注3)

(記入例：自然大学大学院工学研究科 准教授 岡崎太郎)

- ・
- ・
- ・
- ・

6. 研究成果の概要及び今後の展望

蛍光タンパク質を用いたバイオイメーjingによる解析での技術的な課題は、視野が狭いために広視野で質が高い画像を取得するのが困難な点である。本研究では、大型スペクトログラフを広い視野の励起として用いることで困難を克服するとともに、最終的には生きた様々な植物個体を使つてのイメージングの実現を目的とした。

蛍光顕微鏡では、水銀ランプからの光源を励起光として使用している。この感度を高めるためには、視野を狭くする事が必要である。一度に広範囲を照射する（低倍で観察することに相当）と、励起光密度が低下する。今回、光量を任意の波長で得ることができる装置は大型スペクトログラフを用いて、エネルギーの高い励起光を用い、同時に高感度・高解像度カメラ(8K)を用いて解析を行った。その結果、フィルターと大型ルーペを設置して励起光の波長を精密にコントロールし、集光することで、蛍光映像が得られることがわかった。これを更に改善してより感度を上げるために、今後は植物側のファクター、例えば白色光を照射すると蛍光シグナルの放出量は増加するのか、その場合、波長や光量、照射時間などを検討する予定である。この結果は、ホロライトでの検出にも重要なファクターになると考えられる。

7. 研究成果発表等の予定

本解析結果は、国内および国際学会での発表を予定している。追加の実験を行い、論文として発表予定である。

8. 備考

(注1) 記入例に沿って所属先機関名、部局名、職名、氏名を記載してください。

(注2) 研究会の場合は参加者リストを別紙(様式任意)として添付してください。

(注3) 共同利用研究分担者及び研究会参加者各位に、(注4)のとおり所属先機関名、部局名、職名、氏名が公開されることの下承を得てください。情報公開に関する承認が得られなかった場合、承認を得られなかった方の情報は報告書に記載しないようご注意ください。

(注4) 共同利用研究実施報告書は基礎生物学研究所のホームページ

(<http://www.nibb.ac.jp/collabo/invite/invite.html>)に公開されます。公開できない内容は省略し、簡潔にご記入ください。

(注5) 1. ～ 4. の情報に誤りがあつた場合、担当係にて修正の上、自然科学共同利用・共同研究
統括システム(NOUS) (<https://www.nins.jp/site/nous/>)に再アップロードしますのでご了承ください。

生物遺伝資源新規保存技術開発共同利用研究

- 21-601 品種の特性調査によるサトイモ茎頂を用いた高効率な超低温保存法の確立
本橋 令子 静岡大学学術院農学領域
- 21-602 急速融解による新規ガラス化保存法の開発
関 信輔 秋田大学バイオサイエンス教育・研究サポートセンター
- 21-603 実用藻類ツノケイソウ *Chaetoceros gracilis* の凍結保存法の確立
福澤 秀哉 京都大学大学院生命科学研究科
- 21-604 ラットにおけるフリーズドライ精子保存法の開発と効率化に関する研究
金子 武人 岩手大学理工学部
- 21-605 野蚕の超低温保存方法の開発
伴野 豊 九州大学大学院農学研究院
- 21-606 超瞬間凍結における安定保存のための急速解凍技術の開発
秋山 佳丈 信州大学繊維学部
- 21-607 マツノザイセンチュウコアコレクション確立に向けた保存技術確立とコレクションの遺伝的側面からの理解
渡辺 敦史 九州大学大学院農学研究院
- 21-608 緩慢凍結保存法の発展へ貢献する新規凍結保存剤の開発
黒田 浩介 金沢大学理工学域生命理工学類
- 21-609 碎片分離する環形動物、ヤマトヒメミズ遺伝資源の保存法の開発
藤田 俊之 帝京大学薬学部
- 21-610 不完全変態類昆虫における凍結保存技術の確立
中村 太郎 基礎生物学研究所進化発生研究部門

2022 年 4 月 30 日

基礎生物學研究所長 殿

（報告者）

所属：静岡大學學院農學領域

氏名：本橋 令子

下記のとおり実施しましたので報告します。

記

1. 種別（いずれかをチェック☑してください。）

- ☐ 新規モデル生物開発共同利用研究
- ☐ 個別共同利用研究
- ☐ 統合ゲノミクス共同利用研究
- ☐ 統合イメージング共同利用研究
- ☐ 大型スペクトログラフ共同利用実験
- ☒ 生物遺伝資源新規保存技術開発共同利用研究
- ☐ 研究会
- ☐ トレーニングコース実施

2. 研究課題名

品種の特性調査によるサトイモ茎頂を用いた高効率な超低温保存法の確立

3. 課題番号（審査結果通知書及び申請書に記載しています。）

21-601

4. 所内対応者

氏名：成瀬 清

（次ページに続く）

5. 共同利用研究分担者 (注1)(注2)(注3)

- ・国立研究開発法人 農業・食品産業技術総合研究機構遺伝資源センター 上級研究員 田中大介
- ・静岡大学 農学部 学部生 篠村菜月

6. 研究成果の概要及び今後の展望

昭和 51 年から中尾、小西らを中心に、東南アジア及び太平洋諸島を中心に 35 か国でサトイモの遺伝資源探索が行われ、約 2000 地点で栽培または野生の状態で生育しているサトイモが農耕・食文化の情報とともに多数収集された。収集されたサトイモは一般財団法人進化生物学研究所に系統維持され、世界的なサトイモの遺伝資源コレクションとなっている(小西、2013)。

これらの遺伝資源の保全のために、茎頂のガラス化保存法の確立を試みている。無菌培養したサトイモから単離した2,3枚の葉原基を含む1 mm程度の茎頂を供試試料とし、凍結処理から4週間後、8週間後の生存率を検証したところ、以下の継代培地におけるショ糖濃度、および脱水処理時間・温度等の条件が最適であった。

3%ショ糖 MS 培地で生育したサトイモから単離した茎頂を 0.3M ショ糖 MS 培地に移し前培養(26℃, 22h)を行い、アルミニウム製クライオプレート上でアルギン酸ナトリウムビーズに包埋し、ローディング処理(室温, 20h)、PVS2 処理(0℃, 2h)を行った。これを液体窒素中で急速冷却することで茎頂をガラス化させた。再生育には 1.0M ショ糖溶液を用いて、室温で20分間急速昇温し、これを 0.3M ショ糖 MS 培地で 26℃、暗所にて2日間培養し再生を促した。その後、0.1M ショ糖 MS 培地にて 26℃の弱光条件で10日間培養し、通常の3%ショ糖 MS 培地 26℃で培養した(本橋、2020)。

12の栽培品種についても本方法を試したところ、やいち芋、平大葉芋で80%以上の高い生存率を示し、他の品種も70%程度の生存率を示し、本方法が最適であることが分かった。しかし、新潟の品種である「大和早生」は生存率が30%ほどと低かった。生存率を上げるために、前培養過程において、40℃の熱処理を2時間加え、熱ショックタンパク質の発現を誘導した結果、生存率が有意に上がった。

今後は、効率の良い熱ショックタンパク質発現誘導の処理時間、温度などを検討し、さらに生存率を上げる方法を確立する。

また、継代培養中のサトイモに内生菌が蓄積し、茎頂を切り出すと内生菌の繁殖が進み幼植物体が1週間以内に枯死するという問題が発生している。この解決の為に植物体を 0.2 gL⁻¹ 硝酸銀水溶液へ24時間浸漬し内生菌除去を試みている。内生菌除去方法の確立が重要であり、さまざまな殺菌剤を用いて検討を行ない効率の良い方法を探る必要がある。

7. 研究成果発表等の予定

日本植物バイオテクノロジー学会で発表予定
成果の学術論文への執筆予定

8. 備考

(注1) 記入例に沿って所属先機関名、部局名、職名、氏名を記載してください。

(注2) 研究会の場合は参加者リストを別紙(様式任意)として添付してください。

(注3) 共同利用研究分担者及び研究会参加者各位に、(注4)のとおり所属先機関名、部局名、職名、氏名が公開されることので了承を得てください。情報公開に関する承認が得られなかった場合、承認を得られなかった方の情報は報告書に記載しないようご注意ください。

(注4) 共同利用研究実施報告書は基礎生物学研究所のホームページ(<http://www.nibb.ac.jp/collabo/invite/invite.html>)に公開されます。公開できない内容は省略し、簡潔にご記入ください。

(注5) 1.～4.の情報に誤りがあった場合、担当係にて修正の上、自然科学共同利用・共同研究統括システム(NOUS) (<https://www.nins.jp/site/nous/>)に再アップロードしますのでご了承ください。

基礎生物学研究所共同利用研究実施報告書（令和 3 年度）

2022 年 5 月 29 日

基礎生物学研究所長 殿

（報告者）

所属：秋田大学バイオサイエンス教育・

研究サポートセンター

氏名：関 信輔

下記のとおり実施しましたので報告します。

記

1. 種別（いずれかをチェック☑してください。）

- ☐ 新規モデル生物開発共同利用研究
- ☐ 個別共同利用研究
- ☐ 統合ゲノミクス共同利用研究
- ☐ 統合イメージング共同利用研究
- ☐ 大型スペクトログラフ共同利用実験
- ☒ 生物遺伝資源新規保存技術開発共同利用研究
- ☐ 研究会
- ☐ トレーニングコース実施

2. 研究課題名

急速融解による新規ガラス化保存法の開発

3. 課題番号（審査結果通知書及び申請書に記載しています。）

21-602

4. 所内対応者

氏名： 成瀬 清 特任教授

（次ページに続く）

5. 共同利用研究分担者 (注1)(注2)(注3)

・秋田大学バイオサイエンス教育・研究サポートセンター 技術専門員 福田康義

6. 研究成果の概要及び今後の展望

細胞を凍結保存するには、細胞を脱水するとともに耐凍剤を透過させることで、凍結融解時に細胞内に氷晶を形成させないことが重要である。我々は、ガラス化法による超低温保存において、冷却が急速ではなくても、ガラス化溶液の耐凍剤濃度が高くなくても、融解さえ急速であればガラス化保存後の生存性が高いことを報告している。融解さえ急速であれば、クライオトップのような高価な消耗品を用いる必要もなく、超急速ガラス化法を実施することが可能であるというアイデアをもとに新規ガラス化保存方法を開発している。本研究では、急速融解に着目し、哺乳類1細胞期胚をクライオチューブでガラス化保存することで、微細な装置を用いた超急速ガラス化法と同等の生存性を示すガラス化保存法の開発が可能かどうかを検証している。

(マウス1細胞期胚の簡易ガラス化保存法の開発)

クライオチューブを用いても、マウス1細胞期胚の簡便なガラス化保存法の開発に成功しており、10-20%の低濃度耐凍剤を含む溶液でも凍結可能であることを示した (Seki et al. 2018)。急速な融解により、融解時の細胞内氷晶形成を避けることで、クライオチューブを用いても容易にマウス1細胞期胚をガラス化保存することが可能であり、本研究のコンセプトに間違いがないことを確認した。

(ラット・ウサギ1細胞期胚のガラス化保存法の開発)

ラット・ウサギ1細胞期胚についても、同様の戦略でクライオチューブを用いたガラス化保存法を開発している。クライオトップを用いたラット・ウサギ1細胞期胚のガラス化保存法は報告されているが、本研究では急速融解に着目し、クライオチューブを用いたガラス化保存法の開発を実施している。すなわち、ラット・ウサギ1細胞期胚を含む低濃度のガラス化溶液 (5 μ l) をクライオチューブに移し、液体窒素に直接浸すことで超低温保存し、融解は37℃あるいは50℃のスクロース液1 mlを添加することで急速におこなっている。融解後、体外培養により胚が発生するかどうか、胚移植後に正常な産仔へと発生するかどうかを確認したところ、37℃のスクロース液1 ml添加では胚の発生は停止したが、50℃のスクロース液1 ml添加により、胚の発生がすすむことが確認された (特許出願)。ラットについては、それらの胚が胎仔にまで発生するかどうかを調べるために、胚移植を実施したところ無処理の胚と比較して同じ効率 (有意差なし) で胎仔まで発生した。急速融解に着目し、ラット1細胞期胚をクライオチューブでガラス化保存することで、微細な装置を用いた超急速ガラス化法と同等の生存性を示すガラス化保存法の開発に成功した [Fukuda et al. 2021]。さらに、微細なキャピラリーを用いた胚操作では限られた研究者しかできない技術になってしまうため、誰もが実施できるようにマイクロピペットを用いた胚操作でもできるように実験をすすめた。その結果、急速な融解は達成できるサンプル volume を算出し、胚を含む5 μ lをクライオチューブに移し、そこに算出した量のガラス化溶液を添加することで急速融解を利用したガラス化保存が可能であることがわかった。また、ガラス化溶液には自前で調整する必要のないように、アーク・リソース株式会で販売されているガラス化溶液を用いた。そして、Wistar 系統以外の系統であっても、非凍結コントロールと変わらない高率な発生能を示した。アーク・リソース株式会社でも凍結胚のラット胚移植を実施して頂き、Wistar 系統以外の系統でも、コントロールと変わらない高い発生率を示すことを確認している。論文投稿用のデータ収集が完了次第、学術論文として投稿する。また、技術講習会で利用者への技術提供についても打ち合わせを開始する。

また、ウサギについてもガラス化保存した胚 (1細胞期あるいは桑実期胚) についても50℃あるいは60℃の急速融解により高率で発生することが判明している。本研究では、秋田県固有種であるジャンボウサギの保全も課題の一つとして取り組んでいるが、2021年7月に感染力の高く致死に至るウサギ敗血症が秋田県で発生し、ジャンボウサギ遺伝資源保存は解決すべき喫緊の課題となった。感染症発生前に研究をすすめており、凍結保存している桑実期胚は融解後胚盤胞期胚まで発生することが確認できている。今後、胚移植を行うことで、胎仔までの発生に影響がないことを確認したのちに、学術論文として投稿する予定である。

研究成果発表

原著論文

- 1) **Fukuda Y**, Higashiya M, Obata T, Basaki K, Yano M, Matsumura K, Ono K, Ohba T, Okamoto Y, Nishijima K, **Seki S** (Correspondence author) . (2021) Small-volume vitrification and rapid warming yield high survival of one-cell rat embryos in cryotubes, *Biology of Reproduction*, 105, 258-266.

国内セミナー発表 招待講演

- 1) **関 信輔** (2021) 急速融解に着目した細胞の超低温保存法の開発 2021 年度日本伝熱学会東北支部 秋季セミナー (国内地方学会 招待講演)

国内学会発表 口頭発表 (○は発表者を示す)

- 1) **福田康義**, 東谷美沙子, 小畑孝弘, 矢野愛美, 及川剛宗, 川辺敏晃, 尾野恭一, 岡本洋介, 西島和俊, ○ **関 信輔** (2021), 最少容量ガラス化法と急速融解によるクライオチューブを用いたラット 1 細胞期胚ガラス化保存法の開発, 2021 年 9 月 21-24 日, 第 114 回 日本繁殖生物学会, WEB 開催, 口頭発表.
- 2) ○ **関 信輔**, 福田康義, 小畑孝弘, 及川剛宗, 矢野愛美, 東谷美沙子, 前田 達弘, 高井直史, 西島和俊, 松田幸久 (2021), 急速融解によるクライオチューブを用いたウサギ胚のガラス化保存, 2021 年 11 月 12 日, Cryopreservation Conference 2021, WEB 開催, 口頭発表.
- 3) **福田康義**, ○ 及川剛宗, 東谷美沙子, 小畑孝弘, 矢野愛美, 川辺敏晃, **関 信輔** (2021), 最少容量ガラス化法と急速融解によるクライオチューブを用いたラット 1 細胞期胚ガラス化保存法, 2021 年 12 月 4 日, 第 7 回 東北動物実験研究会, 弘前市, 口頭発表.

7. 研究成果発表等の予定

国際学会 口頭発表

- 1) ○ **Shinsuke Seki**, **Yasuyoshi Fukuda**, Takanori Oikawa, Misako Higashiya, Takahiro Obata, Megumi Yano, Toshiaki Kawabe (2022) Vitricification of one-cell rat embryos in cryotubes by small-volume vitrification and rapid warming, The 59th Annual meeting of the society for Cryobiology Cryobiology (Dublin, U.S. In person and virtual hybrid Event, virtual 発表), 2022 年 7 月 19-22 日.

国内学会 ポスター発表

- 2) **福田康義**, ○ 及川剛宗, 東谷美沙子, 小畑孝弘, 矢野愛美, 川辺敏晃, **関 信輔** (2022), 最小容量ガラス化法と急速融解によるクライオチューブを用いたラット 1 細胞期胚ガラス化保存法, 2022 年 5 月 19 日, 第 69 回 日本実験動物学会総会, 市, ポスター発表.

8. 備考

(注1) 記入例に沿って所属先機関名、部局名、職名、氏名を記載してください。

(注2) 研究会の場合は参加者リストを別紙(様式任意)として添付してください。

(注3) 共同利用研究分担者及び研究会参加者各位に、(注4)のとおり所属先機関名、部局名、職名、氏名が公開されることの下承を得てください。情報公開に関する承認が得られなかった場合、承認を得られなかった方の情報は報告書に記載しないようご注意ください。

(注4) 共同利用研究実施報告書は基礎生物学研究所のホームページ(<http://www.nibb.ac.jp/collabo/invite/invite.html>)に公開されます。公開できない内容は省略し、簡潔にご記入ください。

(注5) 1.～4.の情報に誤りがあった場合、担当係にて修正の上、自然科学共同利用・共同研究統括システム(NOUS) (<https://www.nins.jp/site/nous/>)に再アップロードしますのでご了承ください。

2021 年 6 月 6 日

基礎生物學研究所長 殿

（報告者）

所属：京都大学大学院生命科学研究科

氏名：福澤 秀哉

下記のとおり実施しましたので報告します。

記

1. 種別（いずれかをチェック☑してください。）

- ☐ 新規モデル生物開発共同利用研究
- ☐ 個別共同利用研究
- ☐ 統合ゲノミクス共同利用研究
- ☐ 統合イメージング共同利用研究
- ☐ 大型スペクトログラフ共同利用実験
- ☒ 生物遺伝資源新規保存技術開発共同利用研究
- ☐ 研究会
- ☐ トレーニングコース実施

2. 研究課題名

実用珪藻ツノケイソウ *Chaetoceros gracilis* の凍結保存法の確立

3. 課題番号（審査結果通知書及び申請書に記載しています。）

21-603

4. 所内対応者

氏名：成瀬清

（次ページに続く）

5. 共同利用研究分担者 (注1)(注2)(注3)

(記入例：自然大学大学院工学研究科 准教授 岡崎太郎)

- ・京都大学大学院生命科学研究科 講師 山野隆志
- ・京都大学大学院生命科学研究科 助教 辻 敬典

6. 研究成果の概要及び今後の展望

ツノケイソウ *Chaetoceros gracilis* は、二枚貝や蠣の養殖に用いられているが、凍結保存の手法に関しては知見が蓄積していない。そこで、凍結保存における条件を検討した。血清を含まない凍結保護剤である Cell Banker 2 を用い、凍結容器（ミスターフロスティアー）を用いて 4℃ から -80℃ まで時間をかけて冷却し、その後、液体窒素タンクに凍結保存した。凍結細胞の解凍には 10℃ のウォーターバスを用い、人工海水培地の寒天プレートに播種して回復培養を行った。回復培養時の条件として、1) 10℃ で暗所、2) 25℃ で弱光 ($20 \mu\text{mol photons m}^{-2} \text{s}^{-1}$)、3) 25℃ で通常光 ($60 \mu\text{mol photons m}^{-2} \text{s}^{-1}$) 4) 37℃ で暗所、6) 37℃ で弱光の各条件を試した。25℃ 以下の条件では、野生株のみコロニーが形成されたが、形質転換体ではコロニーの形成が認められなかった。そのため、緑藻クラミドモナスで用いられている（凍結保護剤として 9% メタノールを用いる）凍結法を試みたが、形質転換株の回復は認められなかった。

珪藻は、二重膜の葉緑体を保持する緑藻や陸上植物とは系譜が異なり、紅藻の二次共生により葉緑体を獲得した不等毛植物に属する。そのため、葉緑体は 4 枚の包膜に囲まれており、さらにその最外膜は核膜と融合するなど、複雑な細胞内膜系を発達させている。そのため、凍結時の氷の結晶により複雑な内膜系が損傷を受けやすいと推測される。今後は、細胞の培養ステージや、凍結保護剤の種類とその濃度、プログラムフリーザーを用いた降温速度の検討が必要である。また、ガラス化法による凍結法も検討する必要があると考えられる。

7. 研究成果発表等の予定

未定

8. 備考

(注1) 記入例に沿って所属先機関名、部局名、職名、氏名を記載してください。

(注2) 研究会の場合は参加者リストを別紙（様式任意）として添付してください。

(注3) 共同利用研究分担者及び研究会参加者各位に、(注4) のとおり所属先機関名、部局名、職名、氏名が公開されることのできることを了承してください。情報公開に関する承認が得られなかった場合、承認を得られなかった方の情報は報告書に記載しないようご注意ください。

(注4) 共同利用研究実施報告書は基礎生物学研究所のホームページ (<http://www.nibb.ac.jp/collabo/invite/invite.html>) に公開されます。公開できない内容は省略し、簡潔にご記入ください。

(注5) 1. ～ 4. の情報に誤りがあった場合、担当係にて修正の上、自然科学共同利用・共同研究統括システム(NOUS) (<https://www.nins.jp/site/nous/>) に再アップロードしますのでご了承ください。

2022 年 4 月 25 日

基礎生物學研究所長 殿

（報告者）

所属：岩手大学

氏名：金子武人

下記のとおり実施しましたので報告します。

記

1. 種別（いずれかをチェック☑してください。）

- ☐ 新規モデル生物開発共同利用研究
- ☐ 個別共同利用研究
- ☐ 統合ゲノミクス共同利用研究
- ☐ 統合イメージング共同利用研究
- ☐ 大型スペクトログラフ共同利用実験
- ☒ 生物遺伝資源新規保存技術開発共同利用研究
- ☐ 研究会
- ☐ トレーニングコース実施

2. 研究課題名

ラットにおけるフリーズドライ精子保存法の開発と効率化に関する研究

3. 課題番号（審査結果通知書及び申請書に記載しています。）

21-604

4. 所内対応者

氏名：成瀬 清

（次ページに続く）

5. 共同利用研究分担者 (注1)(注2)(注3)

(記入例：自然大学大学院工学研究科 准教授 岡崎太郎)

・

6. 研究成果の概要及び今後の展望

本研究では、ラットにおけるフリーズドライ精子保存法の開発およびフリーズドライ精子を用いた効率的な産子作出法の開発を目的に研究を行った。

フリーズドライした精子を顕微授精により受精させた卵子から、正常な産子を得ることに成功した。このことから、フリーズドライ精子保存法はラット系統のバイオリソース事業に応用できることが明らかとなったが、その作製効率は凍結精子を用いた場合に比べて低かった。このことから、作製効率向上に向けた検討を行った。

本研究では、採卵から顕微授精を行うまでの時間が胚の発生に影響を与えていることを明らかにした。また、卵子の染色体配列にも異常が見られることがわかった。この結果は、ラットにおける顕微授精の成功率が低い原因の一つとして考えられる。さらにこの結果をもとに顕微授精技術の改良を行うことで成功率の向上が認められた。さらに改良を重ねることでフリーズドライ精子を用いた効率的な産子作出法の開発を行っていく。

7. 研究成果発表等の予定

Y Nakagawa, T Kaneko. Treatment with MG132 prevents spontaneous activation of rat oocyte in culture and promotes embryonic development after intracytoplasmic sperm injection. Scientific Reports. 12, 2706, 2022.

金子武人 私の研究 フリーズドライ精子保存 LABIO21 No.85 P21-24 2022 年

金子武人 ラット生殖技術の開発と応用 Cryopreservation Conference 2021 2021 年 11 月 11～12 日

8. 備考

(注1) 記入例に沿って所属先機関名、部局名、職名、氏名を記載してください。

(注2) 研究会の場合は参加者リストを別紙(様式任意)として添付してください。

(注3) 共同利用研究分担者及び研究会参加者各位に、(注4)のとおり所属先機関名、部局名、職名、氏名が公開されることのできることを了承してください。情報公開に関する承認が得られなかった場合、承認を得られなかった方の情報は報告書に記載しないようご注意ください。

(注4) 共同利用研究実施報告書は基礎生物学研究所のホームページ(<http://www.nibb.ac.jp/collabo/invite/invite.html>)に公開されます。公開できない内容は省略し、簡潔にご記入ください。

(注5) 1. ～ 4. の情報に誤りがあった場合、担当係にて修正の上、自然科学共同利用・共同研究統括システム(NOUS) (<https://www.nins.jp/site/nous/>)に再アップロードしますのでご了承ください。

2022 年 4 月 11 日

基礎生物学研究所長 殿

（報告者）

所属：九州大学大学院農学研究院

氏名：伴野豊

下記のとおり実施しましたので報告します。

記

1. 種別（いずれかをチェック☑してください。）

- ☐ 新規モデル生物開発共同利用研究
- ☐ 個別共同利用研究
- ☐ 統合ゲノミクス共同利用研究
- ☐ 統合イメージング共同利用研究
- ☐ 大型スペクトログラフ共同利用実験
- ☒ 生物遺伝資源新規保存技術開発共同利用研究
- ☐ 研究会
- ☐ トレーニングコース実施

2. 研究課題名

野蚕の超低温保存方法の開発

3. 課題番号（審査結果通知書及び申請書に記載しています。）

21-605

4. 所内対応者

氏名：成瀬清

（次ページに続く）

5. 共同利用研究分担者 (注1)(注2)(注3)

(記入例：自然大学大学院工学研究科 准教授 岡崎太郎)

- ・九州大学大学院農学研究院遺伝子資源開発研究センター 学術研究員 福森寿善
- ・信州大学学術研究院繊維学系 教授 梶浦善太

6. 研究成果の概要及び今後の展望

大型絹糸昆虫(野蚕)は継代が容易ではなく、野蚕を安定して維持できるようにするために長期保存技術の確立が必要である。カイコでは幼虫の卵巣を用いた超低温保存方法が確立されている。2020年度の本共同利用研究において、野蚕の1種であるサクサンでは卵巣の超低温保存と移植が可能であるが、ヤママユガでは造卵がほとんど確認できないことを明らかにした。精巣に関しては、移植精巣の発育が著しく抑制されていることが判明した。2021年度は、サクサンおよびヤママユガ生殖巣の超低温保存に適した条件検討を行なう予定であったが、条件検討を行なううえで、まず精巣保存方法を改善する必要があり、扱いが容易なカイコを用いて精巣保存方法の改善を試みた。

カイコの生殖巣保存はこれまで緩慢凍結法で行なってきたが、精巣保存に関しては有効性の高い系統と有効性が全く得られない系統のあることが知られていた。そこで、有効性の高い系統と全く得られない系統の中からそれぞれ1系統ずつ選び、ガラス化法による改善の可能性を検討した。精巣のガラス化処理には、アルミニウム製のクライオプレートを使用する手法が適していることを明らかにした。ガラス化処理した精巣を宿主となるカイコに移植して有効性を評価した。その結果、試験したどちらの系統からも受精能力を有する移植個体が得られた。ガラス化により精巣保存方法を高度化できる可能性が示された。今後は、ガラス化液組成および処理時間の最適化を行なう。また、試験するカイコ系統数を増やすことで、ガラス化処理が精巣保存方法として有効な手法となりうるか検討する。さらに、改良した本手法を用いて野蚕の精巣保存を行ない、有効性の検討を行なう。

7. 研究成果発表等の予定

本研究の成果を *Journal of Insect Biotechnology and Sericology* に投稿中である。

Fukumori, H., Fujii, T., Tanaka, D. and Banno, Y. (2022) Differences between Strains in the Tolerance to testis cryopreservation in the Silkworm, *Bombyx mori*. *J. Insect Biotechnol. Sericol.*, in preparation.

また、野蚕の超低温保存の成果を投稿予定である。

Fukumori, H., Kajiura, Z. and Banno, Y. (2022) Results of gonad cryopreservation of *Antheraea pernyi*, *A. yamamai*, and *Trilocha varians*. *J. Insect Biotechnol. Sericol.*, in preparation.

8. 備考

なし

(注1) 記入例に沿って所属先機関名、部局名、職名、氏名を記載してください。

(注2) 研究会の場合は参加者リストを別紙(様式任意)として添付してください。

(注3) 共同利用研究分担者及び研究会参加者各位に、(注4)のとおり所属先機関名、部局名、職名、氏名が公開されることので了承を得てください。情報公開に関する承認が得られなかった場合、承認を得られなかった方の情報は報告書に記載しないようご注意ください。

(注4) 共同利用研究実施報告書は基礎生物学研究所のホームページ(<http://www.nibb.ac.jp/collabo/invite/invite.html>)に公開されます。公開できない内容は省略し、簡潔にご記入ください。

(注5) 1.～4.の情報に誤りがあった場合、担当係にて修正の上、自然科学共同利用・共同研究統括システム(NOUS) (<https://www.nins.jp/site/nous/>)に再アップロードしますのでご了承ください。

基礎生物學研究所長 殿

（報告者）

所属：信州大学 繊維学部

氏名：秋山 佳丈

下記のとおり実施しましたので報告します。

記

1. 種別（いずれかをチェック☑してください。）

- ☐ 新規モデル生物開発共同利用研究
- ☒ 個別共同利用研究
- ☐ 統合ゲノミクス共同利用研究
- ☐ 統合イメージング共同利用研究
- ☐ 大型スペクトログラフ共同利用実験
- ☐ 生物遺伝資源新規保存技術開発共同利用研究
- ☐ 研究会
- ☐ トレーニングコース実施

2. 研究課題名

超瞬間凍結における安定保存のための急速解凍技術の開発

3. 課題番号（審査結果通知書及び申請書に記載しています。）

21-606

4. 所内対応者

氏名：基礎生物學研究所 IBBP センター 特任教授 成瀬 清

（次ページに続く）

5. 共同利用研究分担者 (注1)(注2)(注3)

- ・信州大学 繊維学部 教授 秋山 佳丈
- ・信州大学 大学院総合理工学研究科 博士後期課程1年 渡部 広機

6. 研究成果の概要及び今後の展望

我々は、インクジェット技術により微小液滴中に細胞を内包し、液体窒素冷却された基板に吐出することで超瞬間的に凍結し、凍結保護剤を用いずに生体試料を凍結保存する技術を開発してきた。今年度は、以下について研究を行った。

1. 液滴単独落下技術の確立

自動解凍装置上の凍結基板を固定することで、バネヒンジによる回転により叩きつけられた衝撃で、液滴が落下する機構を確立した。開発した液滴単独落下技術について、液滴の離脱率を評価したところ、凍結した液滴のサイズによらず 99% 以上の高い離脱を確認できた。また、離脱後の液滴落下についてハイスピードカメラで観察したところ、温浴解凍のための予温培地に突入するまでの時間は遅くとも約 5.1 ms (液滴サイズ: 40 pL), 6.4 ms (液滴サイズ: 200 pL) であった。本落下技術はばねヒンジによる回転エネルギーを用いているため、回転速度が速い箇所の液滴の落下速度はさらに高速であり、落下に必要な時間は約 1 ms であった。

落下中の凍結液滴の昇温については、有限要素解析ソフトウェア COMSOL の伝熱解析から、最大約 -134 °C (40 pL), -159 °C (200 pL) までの昇温が確認された。よって 40 pL の液滴の一部では脱ガラス化が起こる温度 (-137 °C) を上回る昇温が危惧された。

2. 有限要素解析による解凍速度の概算

有限要素解析ソフトウェア COMSOL による伝熱解析により、解凍速度を概算した。基板と共に温浴解凍される場合、基板が薄く熱伝導率が高い素材でもその解凍速度は約 9.2×10^4 °C/s (40 pL), 3.3×10^4 °C/s (200 pL) であった。一方で、液滴単独で解凍する本解凍法を用いると、解凍速度は 19.8×10^4 °C/s (40 pL), 6.4×10^4 °C/s (200 pL) と 2 倍近くまで向上した。以上より、従来の基板を用いた解凍と比べて温浴解凍は 2 倍以上になった一方で、前項で示した様に 40 pL の液滴では落下中に脱ガラス化が危惧された。

3. 細胞を用いた生存率評価

最後に、最適な解凍条件の下で、マウス繊維芽細胞 3T3 等について凍結解凍を行い、その生存率を評価した。従来の基板共に解凍した場合の生存率は 40 pL で 85.8%, 200 pL で 59.7% であったが、液滴のみで解凍した場合は 40 pL で 72.9% (約 10% 減少), 200 pL では 79.3% (約 20% 上昇) となった。このように、共に 70% 以上の生存率を実現したが、40 pL では生存率が減少する結果となった。これは、前項にて述べた解析結果からも想定された様に、液滴のみの解凍では液滴が落下中に室温の空気に晒され、昇温されたためだと考えられる。40 pL の液滴ではこの昇温により部分的に脱ガラス化し生存率が低下したと考えられる。

今後は、200 pL での長期保存に向け専用容器を開発している。液体窒素温度に冷却した専用容器内に離脱させた液滴のみを貯めることで、粉末状に保存可能な技術の創出を目指す。粉末状に保存することで、これまで以上に一度に多量の細胞保存が可能になる。また、これまで解凍は予温した培地中に液滴を突入させて単純な伝熱により解凍していたが、現在 CO2 レーザによる世界最高速解凍技術を開発中である。CO2 レーザによる解凍では、レーザ照射により解凍した液滴が冷えた基板により再凍結させられる可能性がある。この問題にも、本共同利用にて開発した液滴単独離脱技術は有用であると考えられる。

7. 研究成果発表等の予定

論文

- 渡部 広機, 湯浅 裕太, 秋山 佳丈, 凍結保護剤フリー細胞凍結保存のための衝撃液滴離脱による超瞬間解凍法, 低温生物工学会誌, 2021, 67(2), 121-124.
- H. Watanabe, Y. Yuasa, Y. Akiyama, Assessment of vitrification state of superflash frozen droplets based on fluorescence self-quenching, manuscript in preparation.

学会発表

- H. Watanabe, Y. Akiyama, Assessment of vitrification state of superflash frozen droplets based on fluorescence self-quenching, Cryo2021 2022(Jul. 19-22).
- 渡部広機, 諫田泰成, 秋山佳丈, インクジェット超瞬間凍結法のヒト幹細胞への応用, 第 21 回日本再生医療学会総会 2022(Mar. 17)
- 湯浅裕太, 渡部 広機, 秋山佳丈, 凍結保護剤フリー超瞬間凍結法における細胞数増加に向けた検討, Cryopreservation Conference 2021 2021(Nov. 12)
- 渡部広機, 湯浅裕太, 秋山佳丈, インクジェットを用いた超瞬間細胞凍結法における生存率の凍結解凍速度への依存性, 日本機械学会 2021 年度年次大会 2021(Sep. 6)
- 渡部広機, 湯浅裕太, 秋山佳丈, 凍結保護剤フリー細胞凍結法の高生存率化に向けた液滴単独落下解凍とその評価, 第 66 回低温生物工学会 2021(May. 30)

8. 備考

(注 1) 記入例に沿って所属先機関名、部局名、職名、氏名を記載してください。

(注 2) 研究会の場合は参加者リストを別紙(様式任意)として添付してください。

(注 3) 共同利用研究分担者及び研究会参加者各位に、(注 4) のとおり所属先機関名、部局名、職名、氏名が公開されることのできることを了承してください。情報公開に関する承認が得られなかった場合、承認を得られなかった方の情報は報告書に記載しないようご注意ください。

(注 4) 共同利用研究実施報告書は基礎生物学研究所のホームページ (<http://www.nibb.ac.jp/collabo/invite/invite.html>) に公開されます。公開できない内容は省略し、簡潔にご記入ください。

(注 5) 1. ~ 4. の情報に誤りがあった場合、担当係にて修正の上、自然科学共同利用・共同研究統括システム(NOUS) (<https://www.nins.jp/site/nous/>) に再アップロードしますのでご了承ください。

2022 年 4 月 20 日

基礎生物學研究所長 殿

（報告者）

所属：九州大学大学院農學研究院

氏名：渡辺敦史

下記のとおり実施しましたので報告します。

記

1. 種別（いずれかをチェック☑してください。）

- ☐ 新規モデル生物開発共同利用研究
- ☐ 個別共同利用研究
- ☐ 統合ゲノミクス共同利用研究
- ☐ 統合イメージング共同利用研究
- ☐ 大型スペクトログラフ共同利用実験
- ☒ 生物遺伝資源新規保存技術開発共同利用研究
- ☐ 研究会
- ☐ トレーニングコース実施

2. 研究課題名

マツノザイセンチュウコアコレクション確立に向けた保存技術確立とコレクションの
遺伝的側面からの理解

3. 課題番号（審査結果通知書及び申請書に記載しています。）

21-607

4. 所内対応者

氏名：成瀬 清

（次ページに続く）

5. 共同利用研究分担者 (注1)(注2)(注3)

(記入例：自然大学大学院工学研究科 准教授 岡崎太郎)

九州大学大学院農学研究院 教授 渡辺敦史

6. 研究成果の概要及び今後の展望

マツノザイセンチュウコアコレクション確立に向けて 2021 年度はディープフリーザーを利用した保存技術確立を試みた。凍害防止剤は *C. elegans* に従った結果、マツノザイセンチュウでは *C. elegans* とは異なる凍害防止剤が良好であることが明らかとなった。さらに、凍結スピードを検討するため、厚さの異なる 3 種類の発泡スチロールにより保存容器を自作し、マツノザイセンチュウを -80°C ディープフリーザーに静置することで温度が低下するスピードを求めた。温度スピードは少なくとも緩やかな方が生存率は高い結果を示した。3 ヶ月程度、 -80°C に保存し、その生存率を評価した結果、凍結保存による生存率は従来行われていたシャーレよりもやや低い生存率となった。しかし、得られた生存率の時系列変化を求めた結果、3 年程度経過後も生存する可能性が示され、長期保存における凍結保存の利点は大きいと考えられる。

ディープフリーザーは、研究室に常備されていることが多く、その普遍性から明らかにした方法はより多くの研究室に寄与できると考えられる。一方で、より高い生存率を維持するためには、ディープフリーザーに代わる液体窒素での保存を検討する必要性があり、液体窒素保存による成否を明らかにし、それぞれの方法のメリットとデメリットを比較、検討する必要性がある。

7. 研究成果発表等の予定

現在上記成果は論文として投稿する準備を進めている。

8. 備考

(注1) 記入例に沿って所属先機関名、部局名、職名、氏名を記載してください。

(注2) 研究会の場合は参加者リストを別紙(様式任意)として添付してください。

(注3) 共同利用研究分担者及び研究会参加者各位に、(注4)のとおり所属先機関名、部局名、職名、氏名が公開されることのできることを了承してください。情報公開に関する承認が得られなかった場合、承認を得られなかった方の情報は報告書に記載しないようご注意ください。

(注4) 共同利用研究実施報告書は基礎生物学研究所のホームページ(<http://www.nibb.ac.jp/collabo/invite/invite.html>)に公開されます。公開できない内容は省略し、簡潔にご記入ください。

(注5) 1. ~ 4. の情報に誤りがあった場合、担当係にて修正の上、自然科学共同利用・共同研究統括システム(NOUS) (<https://www.nins.jp/site/nous/>)に再アップロードしますのでご了承ください。

2022 年 4 月 20 日

基礎生物學研究所長 殿

（報告者）

所属：金沢大学生命理工學系

氏名：黒田浩介

下記のとおり実施しましたので報告します。

記

1. 種別（いずれかをチェック☑してください。）

- ☐ 新規モデル生物開発共同利用研究
- ☐ 個別共同利用研究
- ☐ 統合ゲノミクス共同利用研究
- ☐ 統合イメージング共同利用研究
- ☐ 大型スペクトログラフ共同利用実験
- ☒ 生物遺伝資源新規保存技術開発共同利用研究
- ☐ 研究会
- ☐ トレーニングコース実施

2. 研究課題名

緩慢凍結保存法の発展へ貢献する新規凍結保存剤の開発

3. 課題番号（審査結果通知書及び申請書に記載しています。）

21-608

4. 所内対応者

氏名：成瀬清

（次ページに続く）

5. 共同利用研究分担者 (注1)(注2)(注3)

(記入例：自然大学大学院工学研究科 准教授 岡崎太郎)

・金沢大学自然システム学専攻 修士1年 石崎健

6. 研究成果の概要及び今後の展望

新規超低温保存を開発する上で、凍結保護物質開発が急務である。我々は、高極性有機イオンの一種であるイオン液体に着目し、画期的な凍結保護物質開発を目標に研究を行った。イオン液体は水と強く相互作用するため、DMSOと同様に氷晶形成を抑制できることが期待されるが、一般的なイオン液体は細胞に対して高い毒性を示すことが知られている。イオン液体のアニオンとカチオンを共有結合で繋ぎ、**zwitterion**化することによって細胞膜との相互作用を抑制した細胞毒性の低い凍結保護物質（候補）を見出した。**zwitterion**を利用することで、例えばヒト線維芽細胞や Madin-Darby Canine Kidney 細胞、PC9 がん細胞を高効率で凍結保存することができた。その効率は一般的な市販の凍結保存剤 (CultureSure, Fujifilm-Wako) と比較して遜色ないものであった。驚くべきことに、本凍結保存剤は **zwitterion** 10%と水 90%を混ぜるだけで高い凍結保存効果を示し、その他の培地成分や血清などは必要ないことが分かった。さらに、DMSOと混合することで、市販の凍結保存剤を超える凍結保護性能を示すことが明らかとなった。今後は、スフェロイドや組織の凍結保存を行っていく予定である。

また、**zwitterion**を利用することで、凍結に弱いタンパク質も凍結保存できた（以下、論文1）。さらに、**zwitterion**の新たな合成法を確立し、**zwitterion**を迅速・大量に合成する方法を提案した（論文2）。

7. 研究成果発表等の予定

国際原著論文)

1. Tetsuya Hirata*, Takahiro Takekiyo*, Yukihiro Yoshimura*, Yuko Tokoro, Takeru Ishizaki, Yasuhiko Kizuka, Kosuke Kuroda*, “Cryostorage of unstable N-acetylglucosaminyltransferase-V by synthetic zwitterions”, RSC Adv., 12, 11628 (2022)
2. Tetsuo Komori, Yui Kato, Kojiro Ishibashi, Kazuaki Ninomiya, Naoki Wada, Daisuke Hirose, Kenji Takahashi, Eishu Hirata, Kosuke Kuroda*, “Characterization and Application of Carboxylate-type zwitterions synthesized by one-step”, *J. Ion. Liq.*, 2, 100027 (2022)

(日本語総説)

黒田浩介、平田英周、生化学、「生命科学のための新規溶媒:DMSO 依存からの脱却」 in press 2022

黒田浩介、溶融塩および高温化学、「イオン液体とライフサイエンスの出会い」、in press 2022

(学会発表)

○石崎 建、石橋公二郎、竹内康人、後藤典子、平田英周、黒田浩介、「ヒト患者由来腫瘍組織の凍結保存へ向けた新規凍結保存剤の開発」、Cryopreservation Conference 2021、オンライン開催、2021 年 11 月 12 日

8. 備考

(注1) 記入例に沿って所属先機関名、部局名、職名、氏名を記載してください。

(注2) 研究会の場合は参加者リストを別紙(様式任意)として添付してください。

(注3) 共同利用研究分担者及び研究会参加者各位に、(注4)のとおり所属先機関名、部局名、職名、氏名が公開されることので了承を得てください。情報公開に関する承認が得られなかった場合、承認を得られなかった方の情報は報告書に記載しないようご注意ください。

(注4) 共同利用研究実施報告書は基礎生物学研究所のホームページ(<http://www.nibb.ac.jp/collabo/invite/invite.html>)に公開されます。公開できない内容は省略し、簡潔にご記入ください。

(注5) 1. ～ 4. の情報に誤りがあった場合、担当係にて修正の上、自然科学共同利用・共同研究統括システム(NOUS) (<https://www.nins.jp/site/nous/>)に再アップロードしますのでご了承ください。

2022 年 4 月 11 日

基礎生物學研究所長 殿

（報告者）

所属：帝京大學薬学部

氏名：藤田俊之

下記のとおり実施しましたので報告します。

記

1. 種別（いずれかをチェック☑してください。）

- ☐ 新規モデル生物開発共同利用研究
- ☐ 個別共同利用研究
- ☐ 統合ゲノミクス共同利用研究
- ☐ 統合イメージング共同利用研究
- ☐ 大型スペクトログラフ共同利用実験
- ☒ 生物遺伝資源新規保存技術開発共同利用研究
- ☐ 研究会
- ☐ トレーニングコース実施

2. 研究課題名

碎片分離する環形動物、ヤマトヒメミミズ遺伝資源の保存法の開発

3. 課題番号（審査結果通知書及び申請書に記載しています。）

21-609

4. 所内対応者

氏名：成瀬清

（次ページに続く）

5. 共同利用研究分担者 (注1)(注2)(注3)

(記入例：自然大学大学院工学研究科 准教授 岡崎太郎)

- ・ 帝京大学薬学部 助教 藤田俊之
- ・ 基礎生物学研究所 特任教授 成瀬清
- ・ 帝京大学薬学部 教授 山口真二

6. 研究成果の概要及び今後の展望

ヤマトヒメミミズ (*Enchytraeus japonensis*) は、断片化・再生するヒメミミズである。同様の性質(断片分離)をもつヒメミミズは、世界でも8種が知られるのみと珍しく、再生に関して貴重な能力を有するモデル生物としてその生物遺伝資源の保存が望まれている。本研究では、ヤマトヒメミミズの生物遺伝資源の保存法を開発することを目指して、(1) 個体そのもの、もしくは(2) 受精卵の凍結保存法の開発を検討した。まず、(1) ヤマトヒメミミズ個体そのものの凍結保存法を検討した。既に確立されたセンチュウで用いられる凍結保存プロトコルを参考に、グリセロールを凍結防御剤として用いる方法を検討した。グリセロール濃度、凍結条件を変えて試行した結果、ヤマトヒメミミズの個体の生存する凍結条件は現在までのところ得られていない。次に、(2) ヤマトヒメミミズ受精卵の凍結保存法を検討を行った。ヤマトヒメミミズの受精卵は、強靱なコクーンに包まれた状態で産卵される。コクーンは受精卵を外部環境から保護している。そのため、コクーン膜を通して凍結防御剤の浸透がおこらない。そこで、実体顕微鏡下にて、精密ピンセットを用いて、コクーン膜を除去し、受精卵を摘出する方法を開発した。今後、培養液中で受精卵を育成させる方法などの、受精卵のハンドリングプロトコルの開発を行っていく。その後、哺乳動物胚などで用いられる凍結保存法を順次検討し、ヤマトヒメミミズ受精卵の凍結保存法の開発を目指す。

7. 研究成果発表等の予定

Cryopreservation Conference 2021において、現状について口頭発表した。

ヤマトヒメミミズ遺伝資源の凍結保存技術の開発(口頭発表 ID:<14>) 藤田俊之, 山口真二, 成瀬 清 Cryopreservation Conference 2021, 2021年11月11-12日, ONLINE(ZOOM and Slack)

8. 備考

(注1) 記入例に沿って所属先機関名、部局名、職名、氏名を記載してください。

(注2) 研究会の場合は参加者リストを別紙(様式任意)として添付してください。

(注3) 共同利用研究分担者及び研究会参加者各位に、(注4)のとおり所属先機関名、部局名、職名、氏名が公開されることのできることを了承してください。情報公開に関する承認が得られなかった場合、承認を得られなかった方の情報は報告書に記載しないようご注意ください。

(注4) 共同利用研究実施報告書は基礎生物学研究所のホームページ(<http://www.nibb.ac.jp/collabo/invite/invite.html>)に公開されます。公開できない内容は省略し、

簡潔にご記入ください。

(注5) 1. ～ 4. の情報に誤りがあった場合、担当係にて修正の上、自然科学共同利用・共同研究統括システム(NOUS) (<https://www.nins.jp/site/nous/>) に再アップロードしますのでご了承ください。

基礎生物学研究所長 殿

（報告者）

所属：基礎生物学研究所

進化発生研究部門

氏名：中村太郎

下記のとおり実施しましたので報告します。

記

1. 種別（いずれかをチェック☑してください。）

- ☐ 新規モデル生物開発共同利用研究
- ☐ 個別共同利用研究
- ☐ 統合ゲノミクス共同利用研究
- ☐ 統合イメージング共同利用研究
- ☐ 大型スペクトログラフ共同利用実験
- ☒ 生物遺伝資源新規保存技術開発共同利用研究
- ☐ 研究会
- ☐ トレーニングコース実施

2. 研究課題名

不完全変態類昆虫における凍結保存技術の確立

3. 課題番号（審査結果通知書及び申請書に記載しています。）

21-610

4. 所内対応者

氏名：成瀬 清

（次ページに続く）

5. 共同利用研究分担者 (注1)(注2)(注3)

(記入例：自然大学大学院工学研究科 准教授 岡崎太郎)

- ・基礎生物学研究所 進化発生研究部門 教授 新美輝幸
- ・基礎生物学研究所 進化発生研究部門 特任研究員 川口はるか
- ・基礎生物学研究所 進化発生研究部門 技術職員 水谷健
- ・基礎生物学研究所 進化発生研究部門 大学院生 千頭康彦

6. 研究成果の概要及び今後の展望

これまで昆虫の凍結保存法は困難とされてきたが、カイコやナミテントウでは精子や卵巣の生殖巣凍結保存法が報告されている。本課題では、カイコやナミテントウでの成功例などを参考に、昆虫種で全く未着手である不完全変態類昆虫における生殖巣凍結保存方法の技術開発を目指した。

実験昆虫として、不完全変態類昆虫でのモデル昆虫であるフタホシコオロギを用いた。研究の結果、カイコやナミテントウと同様の移植手法が適用可能であることがわかった。そこでこれまでに得られた知見から、昆虫の分類群やサイズなどを考慮した、各種非モデル昆虫に応用できる汎用性の高い生殖巣の凍結保存方法の開発に資する基礎データを得ることができた。

7. 研究成果発表等の予定

論文投稿に必要な結果が全て揃った段階で論文の内容を検討し、よりインパクトの高い雑誌に投稿する予定である。

8. 備考

(注1) 記入例に沿って所属先機関名、部局名、職名、氏名を記載してください。

(注2) 研究会の場合は参加者リストを別紙(様式任意)として添付してください。

(注3) 共同利用研究分担者及び研究会参加者各位に、(注4)のとおり所属先機関名、部局名、職名、氏名が公開されることのできることを了承してください。情報公開に関する承認が得られなかった場合、承認を得られなかった方の情報は報告書に記載しないようご注意ください。

(注4) 共同利用研究実施報告書は基礎生物学研究所のホームページ(<http://www.nibb.ac.jp/collabo/invite/invite.html>)に公開されます。公開できない内容は省略し、簡潔にご記入ください。

(注5) 1.～4.の情報に誤りがあった場合、担当係にて修正の上、自然科学共同利用・共同研究統括システム(NOUS)(<https://www.nins.jp/site/nous/>)に再アップロードしますのでご了承ください。

研究会

- 21-701 ミクロ研究とマクロ研究を繋ぐ双方向的な基礎生物学的研究の基盤形成
西海 望 基礎生物学研究所神経生理学研究室
- 21-702 分野横断的に新しい植物科学研究を開拓する若手研究者の集い
樋渡 琢真 基礎生物学研究所細胞動態研究部門
- 21-703 第3回再生学異分野融合研究会
梅園 良彦 兵庫県立大学生命理学研究科
- 21-704 盗機能生物研究会
前田 太郎 慶應大学先端生命科学研究所

基礎生物學研究所共同利用研究実施報告書（2021 年度）

令和4年5月31日

基礎生物學研究所長 殿

（報告者）

所属：基礎生物研究所神経行動学研究室

氏名：西海望

下記のとおり実施しましたので報告します。

記

1. 種別（いずれかをチェック☑してください。）

- ☐ 新規モデル生物開発共同利用研究
- ☐ 個別共同利用研究
- ☐ 統合ゲノミクス共同利用研究
- ☐ 統合イメージング共同利用研究
- ☐ 大型スペクトログラフ共同利用実験
- ☐ 生物遺伝資源新規保存技術開発共同利用研究
- ☒ 研究会
- ☐ トレーニングコース実施

2. 研究課題名

ミクロ研究とマクロ研究を繋ぐ双方向的な基礎生物學研究の基盤形成：動物行動学を軸とするアプローチ

3. 課題番号（審査結果通知書及び申請書に記載しています。）

21-701

4. 所内対応者

氏名：阿形清和

（次ページに続く）

5. 共同利用研究分担者 (注1) (注2) (注3)

- ・自然科学研究機構基礎生物研究所 西海 望
- ・奈良教育大学 理科教育講座 小長谷 達郎
- ・自然科学研究機構基礎生物研究所 松田 直樹
- ・自然科学研究機構基礎生物研究所 左倉 和喜

6. 研究成果の概要及び今後の展望

申請者を代表とする「基礎生物学研究所動物行動学研究会」は、動物行動学を軸として、基礎生物学研究所においてミクロ研究とマクロ研究を双方向的に繋ぎ、新たな研究基盤形成の架け橋となることを目的として発足した。本申請の研究集会では、上記研究会の活動の一環として、動物行動学の最前線で活躍している研究者を講演者として招聘し、その講演を通して、動物行動学の面白さや応用の可能性を共有し、今後の研究展開について広く意見交換を行うことを目的とした。

COVID19の影響により研究集会はオンラインで行い、2021年度6月から3月まで毎月1回、1回あたり1、2名の講演者が発表する形で実施した。合計13の講演がなされた。参加登録者は時間とともに増え、最終的に293名であった。

参加者の構成としては、研究者および大学生が中心であったが、この他民間企業職員や高校、小学校の生徒もあった。本集会では、講演者のほとんどが学会基調講演を担うレベルの研究者であったこともあり、様々な分野の方に興味を持ってもらえたと捉えている。また、講演者、参加者ともに海外からの参加もあり、これはオンライン形式を取ったことによる利点の表れと言える。

各講演の質疑応答では、様々な背景を持つ参加者から質問があり、闊達な意見交換がなされた。講演後の懇親会では、参加者各々の背景を共有し、より濃密かつ建設的な議論がなされると共に、共同研究など具体的な相互協力の話し合いもなされた。

今後の展開としては、引き続き同様の研究集会を進めていく予定であり、既に2022年度版がスタートしている。2022年度講演者の多くは、広くオンラインで募った推薦をもとに選出されており、多くの方の関心に見合う集会になると期待している。

7. 研究成果発表等の予定

8. 備考

(注1) 記入例に沿って所属先機関名、部局名、職名、氏名を記載してください。

(注2) 研究会の場合は参加者リストを別紙(様式任意)として添付してください。

(注3) 共同利用研究分担者及び研究会参加者各位に、(注4)のとおり所属先機関名、部局名、職名、氏名が公開されることの下承を得てください。情報公開に関する承認が得られなかった場合、承認を得られなかった方の情報は報告書に記載しないようご注意ください。

(注4) 共同利用研究実施報告書は基礎生物学研究所のホームページ
(<http://www.nibb.ac.jp/collabo/invite/invite.html>)に公開されます。公開できない内容は省略し、簡潔にご記入ください。

(注5) 1. ~ 4. の情報に誤りがあつた場合、担当係にて修正の上、自然科学共同利用・共同研究統括システム(NOUS) (<https://www.nins.jp/site/nous/>) に再アップロードしますのでご了承ください。

講演者一覧

- ・ 東京大学 大学院情報理工学系研究科 特任研究員 加賀谷勝史
日時：2021 年 6 月 29 日（火）16:00～17:00
演題：「超高速運動での神経・身体統合性へのアプローチ」
- ・ 岡山大学 環境生命科学研究科 教授 宮竹貴久
日時：2021 年 7 月 20 日（火）16:00～17:00
演題：「虫はなぜ死んだふりをするのか？ ゲノム行動生態学の展開に向けて」
- ・ 京都女子大学 現代社会学部 教授 中田兼介
日時：2021 年 8 月 24 日（火）14:00～15:00
演題：「円網の形から探るクモの採餌・対捕食者戦略」
- ・ 慶應義塾大学 先端生命科学研究科 日本学術振興会特別研究員（RPD） 高須賀圭三
日時：2021 年 8 月 24 日（火）15:05～16:05
演題：「クモをあやつり網の形を改変する寄生バチ」
- ・ 石川県立大学 生物資源環境学部 研究員 長谷川克
日時：2021 年 9 月 28 日（火）15:00～16:00
演題：「行動生態学からみた美しさと可愛さの進化」
- ・ 長崎大学 水産・環境科学総合研究科 准教授 竹垣 毅
日時：2021 年 10 月 25 日（月）15:00～16:00
演題：「魚類の子殺し行動：子がどうしても邪魔だったんだ」
- ・ 大阪府立大学 生命環境科学研究科 研究員 竹内剛
日時：2021 年 10 月 25 日（月）16:10～17:10
演題：「チョウの行動を記述する原理：同性という認識はない」
- ・ 東京大学 大学院総合文化研究科 准教授 土畑重人
日時：2021 年 11 月 22 日（月）15:00～16:00
演題：「「超個体」に生物進化の妙を知る」
- ・ 京都大学 理学研究科 特定助教 鈴木俊貴
日時：2021 年 12 月 21 日（火）16:30～17:30
演題：「シジュウカラの単語と文法～科学で迫る野鳥の会話～」

・ University of St Andrews ・ BBSRC Discovery Fellow 菅澤承子

日時：2021 年 12 月 21 日（火）17:40～18:40

演題：「手のない動物によるものづくり～鳥類による構築行動を探る～」

・ 千葉大学 理学院 准教授 高橋佑磨

日時：2022 年 1 月 25 日（火）16:00～17:00

演題：「行動多様性の生態的効果と創発的集団特性の高次フェノームワイド関連解析」

・ 大阪市立大学 理学院 教授 幸田正典

日時：2022 年 2 月 14 日（月）16:00～17:00

演題：「サンゴ礁魚ホンソメワケベラの鏡像自己認知とその認知過程について」

・ 名古屋大学 環境学研究科 教授 依田憲

日時：2022 年 3 月 7 日（月）15:00～16:00

演題：「バイオリギングによる行動学：海洋動物の長距離ナビゲーション研究を例として」

2021 年 12 月 6 日

基礎生物学研究所長 殿

（報告者）

所属：基生研細胞動態

氏名：樋渡琢真

下記のとおり実施しましたので報告します。

記

1. 種別（いずれかをチェック☑してください。）

- ☐ 新規モデル生物開発共同利用研究
- ☐ 個別共同利用研究
- ☐ 統合ゲノミクス共同利用研究
- ☐ 統合イメージング共同利用研究
- ☐ 大型スペクトログラフ共同利用実験
- ☐ 生物遺伝資源新規保存技術開発共同利用研究
- ☒ 研究会
- ☐ トレーニングコース実施

2. 研究課題名

分野横断的に新しい植物科学研究を開拓する若手研究者の集い

3. 課題番号（審査結果通知書及び申請書に記載しています。）

21-702

4. 所内対応者

氏名：南野尚紀

（次ページに続く）

5. 共同利用研究分担者 (注1)(注2)(注3)

(記入例：自然大学大学院工学研究科 准教授 岡崎太郎)

- ・ 龍谷大学農学部 学振特別研究員 栗田悠子
- ・ 自然科学研究機構基礎生物学研究所生命熱動態研究室 博士研究員 友井 拓実
- ・ 東京工業大学環境・社会理工学院 助教 友部遼
- ・ 自然科学研究機構基礎生物学研究所共生システム研究部門 特任助教 大熊直生
- ・ 秋田県立大学木材高度加工研究所 助教 工藤佳世
- ・ 情報・システム研究機構国立遺伝学研究所 特任研究員 貴嶋紗久
- ・ 情報・システム研究機構国立遺伝学研究所 博士研究員 鈴木秀政
- ・ 神戸大学農学研究科 助教 東若菜

6. 研究成果の概要及び今後の展望

研究会開催概要

開催日時：2021 年 12 月 4 日 (1 日間)

開催場所：オンライン

出席者：17 名 (所外 12 名、所内 5 名)

講演 4 名

主催：基礎生物学研究所共同利用研究「研究会」(21-702)

オーガナイザー：樋渡琢真 (基生研) (代表者)

南野尚紀 (基生研) (世話人)

<総括>

本研究会は、異なる研究経歴から植物科学の研究を推進する若手研究者のコミュニケーション促進、さらには新規研究課題の開拓を目的として企画している。

第一回となる今回の研究会では、4 人の演者が自身の異分野融合研究を紹介し、「融合研究を始めたきっかけと進め方」、「各分野で何が足りないと考えているか」、「将来的にどんな技術を求めているか」などの共有を目指した。企画側の意図した通り、すべての発表において有意義な議論、意見交換を行うことができた。今回の研究会で特に、地盤工学や情報学との融合の更なる進展と、植物科学のもつ技術や知識を他分野の科学者へ宣伝する必要性が浮き彫りになった。そこで今後は地盤工学や情報学に精通した若手研究者とのコミュニケーションの活性化を目指すとともに、植物科学の研究者同士もそれぞれの技術や知識の共有をさらに進め、新規研究課題の具体化に努めたい。

今回の研究会は当初実地での開催を目指していたが、オンライン開催となってしまった。次回以降は実地での開催を目指す。

7. 研究成果発表等の予定

8. 備考

(注1) 記入例に沿って所属先機関名、部局名、職名、氏名を記載してください。

(注2) 研究会の場合は参加者リストを別紙(様式任意)として添付してください。

(注3) 共同利用研究分担者及び研究会参加者各位に、(注4)のとおり所属先機関名、部局名、職名、氏名が公開されることのできることを了承してください。情報公開に関する承認が得られなかった場合、承認を得られなかった方の情報は報告書に記載しないようご注意ください。

(注4) 共同利用研究実施報告書は基礎生物学研究所のホームページ(<http://www.nibb.ac.jp/collabo/invite/invite.html>)に公開されます。公開できない内容は省略し、簡潔にご記入ください。

(注5) 1. ~ 4. の情報に誤りがあった場合、担当係にて修正の上、自然科学共同利用・共同研究統括システム(NOUS)(<https://www.nins.jp/site/nous/>)に再アップロードしますのでご了承ください。

別紙

分担者(研究会は参加者) (※人数が多い場合は別紙として作成の上、添付してください。)	所属	職名	氏名
	東京大学 理学系研究科	助教	■■■■ ■■■■
	神戸大学 理学研究科	学生	■■■■ ■■■■
	明治大学 農学部	助教	■■■■ ■■■■
	東京大学 理学系研究科	学生	■■■■ ■■■■
	埼玉大学 理学部	博士研究員	■■■■ ■■■■
	立命館大学 立命館グローバル・イノベーション研究機構	助教	■■■■ ■■■■
	自然科学研究機構 基礎生物学研究所 生物進化研究部門	学生	■■■■ ■■■■

プログラム

日時 ; 12月4日(土)

場所 ; オンライン(研究会は zoom, 懇親会は gather を使用)

開始時間 終了時間

15:00 15:10 挨拶、注意事項

15:10 15:30 越水 静(明治大)

感覚はRPG? 必要な共同研究仲間を集める

15:30 15:50 南野 尚紀(基生研)

情報科学技術を植物科学に取り入れる~AIは植物精子の夢をみるか?~

15:50 16:05 休憩

16:05 16:25 友部 遼(東工大)

地盤工学と植物科学の融合によるサイバー植物モデルの構築

16:25 16:45 東 若菜(神戸大)

樹木の生理生態学的研究~スケール横断的理解を目指して~

16:45	17:00	休憩
17:00	18:00	ディスカッション
18:00		懇親会

基礎生物学研究所共同利用研究実施報告書（2021 年度）

令和 4 年 5 月 25 日

基礎生物学研究所長 殿

（報告者）

所属：兵庫県立大学 大学院理学研究科

氏名：梅園良彦

下記のとおり実施しましたので報告します。

記

1. 種別（いずれかをチェック☑してください。）

- ☐ 新規モデル生物開発共同利用研究
- ☐ 個別共同利用研究
- ☐ 統合ゲノミクス共同利用研究
- ☐ 統合イメージング共同利用研究
- ☐ 大型スペクトログラフ共同利用実験
- ☐ 生物遺伝資源新規保存技術開発共同利用研究
- ☒ 研究会
- ☐ トレーニングコース実施

2. 研究課題名

第3回再生学異分野融合研究会

3. 課題番号（審査結果通知書及び申請書に記載しています。）

21-703

4. 所内対応者

氏名：亀井 保博

（次ページに続く）

5. 共同利用研究分担者 (注1)(注2)(注3)

(記入例：自然大学大学院工学研究科 准教授 岡崎太郎)

・別紙参照

・

6. 研究成果の概要及び今後の展望

開催日時：2021年8月24日、25日(2日間)

主催：基礎生物学研究所

方式：ZOOMによるオンライン会議

種となる参加者：19名(他同研究室所属学生など)

オーガナイザー：梅園良彦(兵庫県立大学)(代表者)

田村宏治(東北大学)・亀井保博(基生研)・竹内隆(鳥取大学)

<総括>

2018年度から基礎生物学研究所のご支援のもと開催してきた再生学異分野融合研究会は本年度で3回目となった(2020年度は、新型コロナウイルス感染症禍でやむなく延期)。今回は、組織・器官を復元する過程において、幹細胞などをキーワードに個々の細胞に着目し、細胞レベルでの深い議論を進めることができた。また、実験技術創生などを含め先端的な異分野における研究者の方々にもご講演いただき、将来の融合研究を見据えた交流の場となった。新型コロナウイルス感染症の拡大防止の最中、オンラインで会議を開催することになったが、有意義な意見交換ができ、充実した時間を過ごすことができた。今後の日本における再生研究がますます発展することを参加者全員で確認し、会を無事に終了することができた。

7. 研究成果発表等の予定

なし

8. 備考

(注1) 記入例に沿って所属先機関名、部局名、職名、氏名を記載してください。

(注2) 研究会の場合は参加者リストを別紙(様式任意)として添付してください。

(注3) 共同利用研究分担者及び研究会参加者各位に、(注4)のとおり所属先機関名、部局名、職名、氏名が公開されることのできることを了承してください。情報公開に関する承認が得られなかった場合、承認を得られなかった方の情報は報告書に記載しないようご注意ください。

(注4) 共同利用研究実施報告書は基礎生物学研究所のホームページ(<http://www.nibb.ac.jp/collabo/invite/invite.html>)に公開されます。公開できない内容は省略し、簡潔にご記入ください。

(注5) 1.～4.の情報に誤りがあった場合、担当係にて修正の上、自然科学共同利用・共同研究統括システム(NOUS)(<https://www.nins.jp/site/nous/>)に再アップロードしますのでご了承ください。

別紙

第3回再生学異分野融合研究会参加者（19名順不動）

所属	職名	氏名
岡山大学	准教授	■■■■■
弘前大学	准教授	■■■■■
東北大学	教授	■■■■■
鳥取大学	教授	■■■■■
東京大学	研究員	■■■■■
東京大学	教授	■■■■■
基礎生物学研究所	特任准教授	■■■■■
兵庫県立大学	教授	■■■■■
基礎生物学研究所	所長	■■■■■
京都大学	教授	■■■■■
九州大学	教授	■■■■■
熊本大学	准教授	■■■■■
奈良先端科学技術大学院大学	教授	■■■■■
兵庫県立大学	准教授	■■■■■
理化学研究所・生命機能科学研究センター	チームリーダー	■■■■■
理化学研究所・生命機能科学研究センター	チームリーダー	■■■■■
東京工業大学	准教授	■■■■■
広島大学	教授	■■■■■
東京大学	助教	■■■■■
東京薬科大学	教授	■■■■■

2022 年 5 月 30 日

基礎生物学研究所長 殿

（報告者）

所属：慶應義塾大学

氏名：前田太郎

下記のとおり実施しましたので報告します。

記

1. 種別（いずれかをチェック☑してください。）

- ☐ 新規モデル生物開発共同利用研究
- ☐ 個別共同利用研究
- ☐ 統合ゲノミクス共同利用研究
- ☐ 統合イメージング共同利用研究
- ☐ 大型スペクトログラフ共同利用実験
- ☐ 生物遺伝資源新規保存技術開発共同利用研究
- ☒ 研究会
- ☐ トレーニングコース実施

2. 研究課題名

盗機能生物研究会

3. 課題番号（審査結果通知書及び申請書に記載しています。）

21-704

4. 所内対応者

氏名：重信 秀治

（次ページに続く）

5. 共同利用研究分担者 (注1) (注2) (注3)

(記入例：自然大学大学院工学研究科 准教授 岡崎太郎)

- ・前田 太郎 特任助教 慶應大学
- ・遊佐 陽一 教授 奈良女子大学
- ・別所-上原 学 特任助教 名古屋大学
- ・柏山祐一郎 教授 福井工業大学
- ・戸川優弥子 日本学術振興会特別研究員 PD 産業技術総合研究所

6. 研究成果の概要及び今後の展望

174名の参加者登録を得、Zoomでは常時120名ほどの接続者がいる状態で研究会を開催し、盗機能生物の詳細やその発展について活発な議論を行った。

7. 研究成果発表等の予定

本会の参加者を中心に月刊「細胞」(北隆館)にて、特集記事「盗機能生物学」の企画を提案し、受け入れられた(2023年5月号予定)。

8. 備考

(注1) 記入例に沿って所属先機関名、部局名、職名、氏名を記載してください。

(注2) 研究会の場合は参加者リストを別紙(様式任意)として添付してください。

(注3) 共同利用研究分担者及び研究会参加者各位に、(注4)のとおり所属先機関名、部局名、職名、氏名が公開されることの下承を得てください。情報公開に関する承認が得られなかった場合、承認を得られなかった方の情報は報告書に記載しないようご注意ください。

(注4) 共同利用研究実施報告書は基礎生物学研究所のホームページ(<http://www.nibb.ac.jp/collabo/invite/invite.html>)に公開されます。公開できない内容は省略し、簡潔にご記入ください。

(注5) 1.～4.の情報に誤りがあった場合、担当係にて修正の上、自然科学共同利用・共同研究統括システム(NOUS)(<https://www.nins.jp/site/nous/>)に再アップロードしますのでご了承ください。