

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

2025年度

目 次

超階層生物学共同利用研究	3
新規モデル生物開発共同利用研究	8
個別共同利用研究	15
統合ゲノミクス共同利用研究	88
統合イメージング共同利用研究	178
大型スペクトログラフ共同利用実験	219
生物遺伝資源新規保存技術開発共同利用研究	226
研究会	234
トレーニングコース	243

(注) 取下げや中止となった課題は含まれません。

超階層生物学共同利用研究

25NIBB101 骨芽細胞のモザイク性がドライブする 4 億年間の脊椎動物の形態大進化

中村 哲也 Rutgers University(Human Genetics Institute of New
Jersey)Department of Genetics

25NIBB102 表現型識別 AI を用いたオフターゲットスペクトル解析法の構築

西谷 直之 岩手医科大学薬学部

25NIBB103 超階層・超種間アプローチで挑む甲殻類の行動創発機構

豊田 賢治 広島大学統合生命科学研究科

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-04-18
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 中村 哲也 所属機関 (Institute) Rutgers University(Human Genetics Institute of New Jersey) 電話 (Phone no.)	部局 (Department) Department of Genetics FAX (FAX no.)	職 (Job Title) Associate Professor E-Mail
1. 種別 / Category	超階層生物学共同利用研究 / Collaborative research projects for Trans-Scale Biology		
2. 課題番号 / Project number	25NIBB101		
3. 研究課題名 / Research Project Title	骨芽細胞のモザイク性がドライブする4億年間の脊椎動物の形態大進化		
4. 所内対応者 / Host Researcher	亀井 保博		
5. 共同利用研究者(敬称略)	中村哲也：ラトガース大学 遺伝学研究科 准教授 / Tetsuya Nakamura: Rutgers University, Department of Genetics, associate professor トリスταν アルダー：ラトガース大学 遺伝学研究科 学部生 / Tristan Alder: Rutgers University, Department of Genetics, undergraduate 亀井保博：基礎生物学研究所 バイオイメージング解析室 教授/ Yasuhiro Kamei: Optics and Imaging Facility, National Institute for Basic Biology, professor 野中成紀：基礎生物学研究所 生命時空間制御グループ 准教授/ Shigenori Nonaka: National Institute for Basic Biology, Laboratory for Spatiotemporal Regulations, associate professor 重信秀治：基礎生物学研究所 進化ゲノミクス研究室 教授/ Shuji Shigenobu: National Institute for Basic Biology, Laboratory for Evolutionary Genomics, professor 林健太郎：基礎生物学研究所 バイオイメージング解析室 助教授/ Kentaro Hayashi: Optics and Imaging Facility, National Institute for Basic Biology, assistant professor		

6. 研究成果の概要及び今後の展望 / Outline of research results and future prospects

本研究の長期的なゴールは、脊椎動物の体の骨が発生由来の異なる複数の骨芽細胞群から出来上がる事、またそれらの骨芽細胞群の遺伝子制御と機能が、発生・進化レベルで異なる事を示すことにある。超階層生物学共同利用研究により1年間のサポートを頂き、複数の大きな進展があった。以下に箇条書きにしてその進展を列挙する。

1) ゼブラフィッシュの体の透明化のプロトコル (CLARITY)の改善を重ね、ライトシート顕微鏡を用いる事で体全体の蛍光染色像を取得することができるようになった。本技術改良は、野中成紀先生に非常に大きく助けて頂いた。テストデータとして、研究プロジェクトの一部であるTbx6:Cre; ubi:Switch ゼブラフィッシュ (paraxial mesodermでCreが発現することで、蛍光発現がGFPからmCherryに変わる)の透明化を行い、その後mCherry, Zns5 (骨芽細胞マーカー蛋白)、DAPIの抗体染色を行った。その後、この魚をライトシート顕微鏡でイメージングを行いデータを取得した。現在、Imarisを用いてデータ解析中である。

2) 上記で用いたTbx6:Cre; ubi:Switchを、同様に透明化と抗体染色を行い、Zeiss LSM980コンフォーカル顕微鏡でも体全体のイメージングを試みた (200 tiles, 45 z-section images/tile)。データ解析の結果、コンフォーカル顕微鏡の解像度はライトシート顕微鏡よりも多少優れていたが、Z方向にはゼブラフィッシュの体の半分ほどまでしかイメージングができず、またデータの取得スピードもライトシート顕微鏡よりも約3倍ほど遅かった。これより、本研究の目的には、ライトシート顕微鏡が適していると結論づけた。

3) 異なる細胞群由来の骨芽細胞の機能の違いを調べるために、遺伝学的に蛍光ラベルされた特定の細胞系譜の細胞を疑鎖骨からレーザーを用いて取り除く実験系の確立を目指した。本実験は、亀井保博先生と林健太郎先生に大きく助けて頂いた。Dr1:CreERT2; ubi:Switchゼブラフィッシュ (lateral plate mesodermがcre活性によって遺伝学的に傾向でラベルされる) から得られた胚を受精後72時間に、アガロースゲルに埋め込み、IR-LEGO顕微鏡にセットした。その後、疑鎖骨の中のLateral plate mesoderm由来の細胞をmCherry蛍光によって同定し、レーザーを照射することでアポトーシスを誘導した。レーザー照射後ゲルから胚を取り出し、さらに24時間発生させて、骨染色を行った。しかしながら疑鎖骨の形態が大きく変化している個体を見つけることはできなかった。IR-LEGO顕微鏡は、コンフォーカル機能がないために、疑鎖骨の中にあるmCherry発現細胞を同定することが非常に困難で、わずか数細胞しかレーザーで取り除くことができなかったことが原因であると考えている。今後は以下に示すようにシステムの改良を行う。

4) 異なる細胞群由来の骨芽細胞の遺伝子発現の違いを捉えるために、シングルセルRNA-sequencingを用いて、受精後32、48、72時間後の疑鎖骨中の骨芽細胞とその周辺細胞の遺伝子発現を同定する事を試みた。10XGenomicss社から発売されているキットを用いる事でシングルセルRNA-sequencingを行い、得られたデータをSeuratとScapyを用いて解析し、その結果を比較した。その結果、Seuratを用いて解析した方が、異なる細胞群由来の骨芽細胞の遺伝子発現を効率よく捉えることができる事がわかった。本解析は、重信秀治先生のアドバイスを頂きながら行った。

以上の結果と成果を踏まえ、次年度は以下の実験を行う予定である。

1) 本年度に確立したゼブラフィッシュのCLARITY、抗体染色、ライトシート顕微鏡イメージングのプロトコルを使用して、次年度には各種細胞系譜のイメージングを行い、ゼブラフィッシュの体全体での骨芽細胞の発生由来とそのモザイク性を同定する。データを取得後にImarisを用いて、各細胞群由来の骨芽細胞の分布を同定する。

2) 異なる細胞群由来の骨芽細胞の機能の違いを同定するため、次年度もレーザー顕微鏡によるターゲット細胞群の光学的除去を継続する。IR-LEGO顕微鏡の3次元解像度を上げるために、亀井保博先生と林健太郎に助けて頂き、コンフォーカル機能を持たせる予定である。これにより、特定の発生由来の細胞群をより効率良く疑鎖骨の中に同定し、多くの細胞をレーザー除去することで疑鎖骨に形態変化が現れるかを検討する。なお、用いる遺伝子組み換えゼブラフィッシュは上記1)と同じである。

3) 異なる細胞群由来の骨芽細胞の遺伝子発現の違いを、ゼブラフィッシュの発生段階だけではなく、成魚になるまで同定する事を試みる。このため、上記に示した遺伝学的に特定の発生細胞群をラベルする魚にさらにsp7:mcherry (骨芽細胞マーカー)を導入する掛け合わせを行なっている。これらの魚が成長段階と成魚の段階で、FACSを行い、疑鎖骨の中から特定の発生細胞群由来の骨芽細胞だけを分離し、bulk RNA-sequencingとbulk ATAC-sequencingを行う予定である。

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-04-29
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 西谷 直之 所属機関 (Institute) 岩手医科大学 電話 (Phone no.)	部局 (Department) 薬学部 FAX (FAX no.)	職 (Job Title) 教授 E-Mail
--	--	---	-------------------------------

1. 種別 / Category	超階層生物学共同利用研究 / Collaborative research projects for Trans-Scale Biology
2. 課題番号 / Project number	25NIBB102
3. 研究課題名 / Research Project Title	表現型識別AIを用いたオフターゲットスペクトル解析法の構築
4. 所内対応者 / Host Researcher	亀井 保博
5. 共同利用研究者(敬称略)	亀井 保博： 基礎生物学研究所超階層生物学センター RMC 教授 渡辺 英治： 基礎生物学研究所超階層生物学センター 准教授 近藤 洋平： 名古屋大学One Medicine 生命・創薬共創プラットフォーム 特任講師 氏家 悠貴： 岩手医科大学薬学部 助教 米澤 穂波： 岩手医科大学薬学部 助教
6. 研究成果の概要及び今後の展望 / Outline of research results and future prospects	遺伝子ノックダウンや阻害剤による標的分子の機能阻害は、基礎生物学における一般的手法である。しかし、予期しない表現型を見逃さずに定量する技術は十分に確立されておらず、オフターゲット作用を客観的に評価することは依然として困難である。本研究では、「表現型の程度を人工知能（AI）による画像認識で定量化することで、標的特異性の広がり定義できる」という仮説を、人と機械の協働により検証することを目的とした。 具体的には、Wnt/β-catenin経路を対象とし、同経路の制御に関与するTankyrase（TNKS）に着目した。TNKSの機能をアンチセンスオリゴや阻害剤によって操作した際に誘導されるゼブラフィッシュ胚の形態異常画像を用いて、クラス分類AIを構築した。さらに、class activation mapping（CAM）等の手法により分類の判断根拠を可視化することで、表現型に基づく標的特異性評価の可能性を検討した。 その結果、TNKSの遺伝子機能抑制（ノックダウン（KD）／ノックアウト（KO））と阻害剤によって誘導される表現型について、AIによるクラス分類に基づき両者の類似性を比較した結果、表現型の強度の観点から相対的に位置づけ可能であることが示され、オンターゲット作用とオフターゲット作用の境界を推定可能であった。また、一定濃度以上のTNKS阻害剤では、オンターゲット作用に由来する変化に加え、オフターゲット作用が示唆される表現型も観察された。 さらに、同一条件下で取得した遺伝子発現プロファイルの解析により、濃度依存的な遺伝子発現変動が認められた。特にオフターゲット作用が疑われる濃度の阻害剤処理では、Wnt/β-catenin経路に関連する変動に加え、細胞死に関わる遺伝子群の変動が観察された。加えて、機能アノテーション解析により、特定の毒性を示唆する変化が検出された。興味深いことに、AI画像分類モデルが形態変化として検出した領域は、これらの毒性と関連する組織領域と一致していた。追加の組織学的解析においても、当該領域における細胞死が確認された。以上の結果から、本手法は表現型情報に基づき標的特異性およびオフターゲット作用を統合的に評価するアプローチとして有用である可能性が示された。今後、これらの成果を取りまとめ、基礎生物学研究所との共同研究として公表する予定である。

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-04-25
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 豊田 賢治 所属機関 (Institute) 広島大学 電話 (Phone no.)	部局 (Department) 統合生命科学研究科 FAX (FAX no.)	職 (Job Title) 助教 E-Mail
--	--	---	-------------------------------

1. 種別 / Category	超階層生物学共同利用研究 / Collaborative research projects for Trans-Scale Biology
2. 課題番号 / Project number	25NIBB103
3. 研究課題名 / Research Project Title	超階層・超種間アプローチで挑む甲殻類の行動創発機構
4. 所内対応者 / Host Researcher	亀井 保博
5. 共同利用研究者(敬称略)	・重信 秀治：基礎生物学研究所, 教授 ・新美 輝幸：基礎生物学研究所, 教授 ・森田 慎一：基礎生物学研究所, 助教 ・吉田 拓也：基礎生物学研究所, 特任准教授 ・森 友子：基礎生物学研究所, 技術職員 ・牧野 由美子：基礎生物学研究所, 技術職員 ・山口 勝司：基礎生物学研究所, 主任技術員 ・大平 剛：神奈川大学, 教授 ・梶本 麻未：神奈川大学, 客員研究員 ・岩崎 藍子：東北大学, 助教 ・竹下 文雄：北九州市立自然史・歴史博物館, 学芸員
6. 研究成果の概要及び今後の展望 / Outline of research results and future prospects	2025年10月26日にキックオフシンポジウムを基礎生物学研究所で開催し、今後の方向性やメンバー内での協働について情報交換を実施した。今後も引き続き、細胞レベルから群集生態までを広く扱った研究者と連携し、トランススケールの生物学を展開する。申請代表者はプロジェクト発足時に掲げたテーマの中で、特に寄生性甲殻類に関するテーマに注力して2025年度は研究を進めてきた。2026年度も引き続き、寄生性甲殻類が宿主の形態や行動に与える現象の分子基盤の解明に力を注いでいく予定である。

新規モデル生物開発共同利用研究

25NIBB202 縮重性を備えた神経回路網の動的制御機構の解明に向けた医用ヒルのモデル生物化

富菜 雄介 北海道大学電子科学研究所

25NIBB203 引き出しで飼育できるモデル発光生物「ザウテルアカイボトビムシ」

別所一上原 学 東北大学学際科学フロンティア研究所

25NIBB204 南極産酵母 *Mrakia blollopis* のモデル生物化

辻 雅晴 長岡技術科学大学物質化学工学科

25NIBB205 次世代プラナリアモデル構築に向けた先端プラットフォームの開発

梅園 良彦 兵庫県立大学理学部

25NIBB206 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 悠一朗 東京大学大学院薬学系研究科

25NIBB207 5年で森を造る早生樹 *Acacia crassicarpa* の RNAseq 解析による階層生物学モデル構築と耐塩機構の解明

田村 隆 岡山大学農学部

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-04-29
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 富菜 雄介 所属機関 (Institute) 北海道大学 電話 (Phone no.)	部局 (Department) 電子科学研究所 FAX (FAX no.)	職 (Job Title) 特任助教 E-Mail
--	---	---	---------------------------------

1. 種別 / Category	新規モデル生物開発共同利用研究 / Collaborative research projects for development of model organism
2. 課題番号 / Project number	25NIBB202
3. 研究課題名 / Research Project Title	縮重性を備えた神経回路網の動的制御機構の解明に向けた医用ヒルのモデル生物化
4. 所内対応者 / Host Researcher	重信 秀治
5. 共同利用研究者(敬称略)	・ 山口 勝司: 基礎生物学研究所 トランスオミクス解析室 主任技術員/ Katsushi Yamaguchi: Trans-Omics Facility, NIBB, senior technician ・ 渡邊 崇之: 総合研究大学大学院 統合進化科学研究センター 助教/ Takayuki Watanabe: RCIES, SOKENDAI, assistant professor
6. 研究成果の概要及び今後の展望 / Outline of research results and future prospects	本研究では、神経生理学・神経行動学の古典的な実験生物でありながら、分子基盤の整備が十分ではなかった医用ヒル <i>Hirudo verbana</i> を、現代的な分子神経生物学の新規モデル生物として利用可能にすることを目的として、ゲノム解析およびトランスクリプトーム解析を進めた。2025年度は、基礎生物学研究所の新規モデル生物開発利用研究の支援を受け、PacBio HiFiリードとHi-Cデータを組み合わせた染色体レベルの核ゲノムアセンブリを構築し、Hi-Cコンタクトマップ、長鎖リードのマップバック、BUSCO解析、テロメア配列探索、BlobToolKitによる混入配列評価などを通じて、アセンブリの妥当性を多面的に検証した。その結果、14本の核染色体に対応する高連続性のゲノム配列を得ることができ、今後の遺伝子アノテーションおよび比較ゲノム解析の基盤を整備した。 また、複数組織に由来するRNAサンプルを用いて、short-read RNA-seqとKinnex long-read RNA-seqを組み合わせたトランスクリプトーム解析を実施した。同一RNAサンプルを分注して両解析に用いることで、発現量情報と転写産物構造情報を対応づけやすいデータセットを構築した。これらのデータを用いて、反復配列マスキング、BRAKER3による遺伝子予測、long-read情報を利用した転写産物構造の補完、EnTAP等による機能アノテーションを進め、<i>H. verbana</i> の分子生物学的解析に利用可能な遺伝子モデルの整備を行った。特に、神経節や関連組織の発現情報は、既知の神経回路・同定ニューロン・行動出力と分子情報を結びつけるための重要な基盤となる。 さらに、ヒル神経系の分節性と神経節ごとの機能的個性を分子レベルで解析するため、各神経節を単位としたバルクRNA-seq解析を進めた。ヒルの中枢神経系は、同じ基本構造をもつ神経節が体軸方向に反復して配置される一方で、前後軸上の位置や支配する器官・行動に応じて異なる機能的特徴を示す。そのため、神経節ごとの遺伝子発現プロファイルを比較することにより、分節神経系の共通性と個性を規定する分子基盤を明らかにできると期待される。本年度は、取得した染色体レベルゲノムおよび遺伝子モデルを参照として、神経節単位の発現解析を行うための基盤を整備した。今後は、神経節間で発現量が異なる遺伝子群を抽出し、神経伝達物質関連遺伝子、神経ペプチド、受容体、イオンチャネル、転写因子などの発現分布を体系的に比較することで、ヒルの同定ニューロン・神経回路・行動出力を分子情報と結びつける解析へ展開する。 上記、ゲノム解析と神経節レベルのトランスクリプトーム解析の暫定的な結果について、2025年12月の日本比較生理生化学第47回大会で発表を行った。 今後は、得られたゲノムアセンブリ、遺伝子モデル、RNA-seqデータを統合し、公開可能なゲノムリソースとして整備する。あわせて、神経節間で発現が異なる遺伝子、神経伝達物質・神経ペプチド・受容体・イオンチャネル関連遺伝子などを体系的に抽出し、ヒルの行動選択や神経回路機能を支える分子基盤の解析へ展開する。さらに、HCR in situ hybridization、単一細胞RNA-seq、空間トランスクリプトーム解析、電気生理・光学イメージングとの統合により、細胞種・神経回路・行動を結ぶ多階層データベースの構築を目指す。本研究により、<i>H. verbana</i> を、ゲノム情報に基づく分子神経生理学および比較神経科学の新たなモデル生物として発展させるための基盤が整いつつある。

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-04-30
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 別所-上原 学 所属機関 (Institute) 東北大学 電話 (Phone no.)	部局 (Department) 学際科学フロンティア研究所 FAX (FAX no.)	職 (Job Title) 助教 E-Mail
--	--	---	-------------------------------

1. 種別 / Category	新規モデル生物開発共同利用研究 / Collaborative research projects for development of model organism
2. 課題番号 / Project number	25NIBB203
3. 研究課題名 / Research Project Title	引き出しで飼育できるモデル発光生物「ザウテルアカイボトビムシ」
4. 所内対応者 / Host Researcher	重信 秀治
5. 共同利用研究者(敬称略)	・ 別所-上原 学：東北大学学際科学フロンティア研究所 助教/ Manabu BESSHO-UEHARA: Tohoku University, Fonteir Research institute for Interdisciplinary Sciences, assistant professor ・ 中森 泰三：横浜国立大学大学院環境情報研究院 准教授/ Taizo Nakamori: Yokohama National University, Faculty of Environment and Information Sciences, associate professor ・ 重信秀治：基礎生物学研究所 超階層センター 教授/ Shuji SHIGENOBU: National Institutes of Natural Sciences Okazaki Research Facilities, Trans-Scale Biology Center, Professor ・ 山口勝司：基礎生物学研究所 トランスオミクス解析室 主任技術員/ Katsushi Yamaguchi: National Institutes of Natural Sciences Okazaki Research Facilities, Trans-Scale Biology Center, Senior Technical Staff
6. 研究成果の概要及び今後の展望 / Outline of research results and future prospects	生物発光とは生物が自ら光を生み出す現象である。これまでに細菌から脊椎動物まで100を超える分類系統で生物発光が知られており、収斂進化の際たる例とも考えられる。発光の分子機構は、一部の分類では共通しているものもあるが、その他多数の系統では独自のものが獲得されていると考えられるものの、大部分は未解明である。 昆虫に近縁な六脚類であるトビムシ目にも発光種は存在する。近年、申請者らは、ザウテルアカイボトビムシ <i>Lobella sauteri</i> が生物発光能力を持つことを明らかにした(Ohira, Nakamori, Bessho-Uehara et al., 2023, Zootaxa)。飼育系を立ち上げ世代時間がおよそ3ヶ月であることが明らかにした。また、発光分子機構がATPとMgを補因子とするが、同様にATP,Mgが関与するホタルの発光系とは異なる独自の発光メカニズムを持つことが示唆された (Bessho-Uehara et al., 2025)。本研究課題では、ザウテルアカイボトビムシの全ゲノムを解読し、ゲノム編集などの遺伝学ツールを導入可能にするためのモデル生物としての基盤を構築することを目指す。 2025年度では、継代飼育を重ねているアカイボトビムシ（体長およそ3 mm)1個体からDNAを抽出し、PacBio Sequel IIシーケンシングを行なった。アセンブルされたゲノムは全長およそ300 Mbpであり、他のトビムシ類のゲノムサイズの分布から逸脱しない値を示した。また、contig N50がおよそ26 Mbpと長く、高品質なゲノムアセンブルが構築できたと考えられる。 今後はHi-Cによる染色体構築によって染色体レベルのゲノムを構築する。

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-04-03
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 辻 雅晴 所属機関 (Institute) 旭川工業高等専門学校 電話 (Phone no.)	部局 (Department) 物質化学工学科 FAX (FAX no.)	職 (Job Title) 准教授 E-Mail
--	---	---	--------------------------------

1. 種別 / Category	新規モデル生物開発共同利用研究 / Collaborative research projects for development of model organism
2. 課題番号 / Project number	25NIBB204
3. 研究課題名 / Research Project Title	南極産酵母Mrakia blollopisのモデル生物化
4. 所内対応者 / Host Reseacher	重信 秀治
5. 共同利用研究者(敬称略)	該当なし
6. 研究成果の概要及び今後の展望 / Outline of research results and future prospects	南極産酵母Mrakia blollopisのモデル生物化を目指し、まずは全ゲノム情報の向上をロングリード次世代シーケンサPacBio RevioのHifiモードにより行なった。 その結果、ゲノムサイズが30.5Mbから29.2MB、遺伝子数が8907から8468、BSCO スコアも83.4%から94.1%に向上することができた。 今後はこの向上したゲノム配列を利用し、ゲノム編集技術の構築に必要なプロモータの探索、ベクターの開発を行なっていく予定である。

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-03-27
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 梅園 良彦 所属機関 (Institute) 兵庫県立大学 電話 (Phone no.)	部局 (Department) 理学部 FAX (FAX no.)	職 (Job Title) 教授 E-Mail
--	--	---	-------------------------------

1. 種別 / Category	新規モデル生物開発共同利用研究 / Collaborative research projects for development of model organism
2. 課題番号 / Project number	25NIBB205
3. 研究課題名 / Research Project Title	次世代プラナリアモデル構築に向けた先端プラットフォームの開発
4. 所内対応者 / Host Researcher	鈴木 賢一
5. 共同利用研究者(敬称略)	・ 梅園 良彦：兵庫県立大学大学院理学研究科 教授 / Yoshihiko Umesono: University of Hyogo, graduate school of science, professor ・ 鈴木 賢一：基礎生物学研究所超階層生物学センター 特任准教授 / Kenichi T Suzuki: National Institute for Basic Biology, trans-scale biology center, specially appointed associate professor ・ 井上 武：鳥取大学医学部 准教授 / Takeshi Inoue: Tottori University, faculty of medicine, associate professor ・ 柴田 典人：津山工業高等専門学校総合理工学科 教授 / Norito Shibata: National Institute of Technology, Tsuyama College, department of integrated science and technology, professor ・ 林 哲太郎：理化学研究所生命機能科学研究センター 技師 / Tetsutaro Hayashi: RIKEN Center for Biosystems Dynamics Research, technical scientist ・ 恵祖茂 オジェイル：鳥取大学医学部 助教 / Ezomo Ojeiru: Tottori University, faculty of medicine, assistant professor ・ 重信 秀治：基礎生物学研究所超階層生物学センター 特任准教授 / Shuji Shigenobu: National Institute for Basic Biology, trans-scale biology center, professor ・ 内山 郁夫：基礎生物学研究所超階層生物学センター 特任准教授 / Ikuo Uchiyama: National Institute for Basic Biology, trans-scale biology center, associate professor ・ 林 隆翔：兵庫県立大学大学院理学研究科 大学院生 / Takato Hayashi: University of Hyogo, graduate school of science, graduate student
6. 研究成果の概要及び今後の展望 / Outline of research results and future prospects	現在までに、PacBioのHiFiリードによる2回のrunが完了し、N50では10Mbを超え、最長は50Mbとなり、アセンブル状況は良好であることがわかった。さらにHi-C解析を行い、ナミウズムシgenomeを染色体スケールで高精度にアセンブルする予定であったが、実際はライブラリー作製には至っておらず、2026年度の最重要課題となった。2026年3月9日および10日に共同利用研究者である梅園氏、井上氏、林哲太郎氏が来所し、9日には所内対応者である鈴木氏と事前打ち合わせをおこない、その後に、林哲太郎氏が新規遺伝子解析手法に関する公開セミナーをおこなった。また、10日には、9日のメンバーに加えて、共同利用研究者である柴田氏（オンライン参加）および所内共同利用研究者である内山氏らと研究の進捗状況および今後の方針に関して密に議論をおこない、特に遺伝子のアノテーションをどのように行うかが話題の中心となった。また、2026年度は、トランスジェニックプラナリア作製に注力するとの意見があった。

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-04-30
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 中嶋 悠一朗 所属機関 (Institute) 東京大学 電話 (Phone no.)	部局 (Department) 大学院薬学系研究科 FAX (FAX no.)	職 (Job Title) 准教授 E-Mail
--	---	---	--------------------------------

1. 種別 / Category	新規モデル生物開発共同利用研究 / Collaborative research projects for development of model organism
2. 課題番号 / Project number	25NIBB206
3. 研究課題名 / Research Project Title	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
4. 所内対応者 / Host Researcher	重信 秀治
5. 共同利用研究者(敬称略)	・重信秀治：基礎生物学研究所 超階層センター 教授 ・山口勝司：基礎生物学研究所 トランスオミクス解析室 主任技術員 ・出口竜作：宮城教育大学大学院教育学研究科高度教職実践専攻 教授 ・菅裕：県立広島大学生物資源科学部生命環境学科生命科学コース 教授 ・谷本拓：東北大学大学院生命科学研究科 教授 ・熊野岳：東北大学大学院生命科学研究科 教授 ・牧野能士：東北大学大学院生命科学研究科 教授 ・竹田典代：広島大学大学院統合生命科学研究科 研究員 ・丸山真一朗：東京大学大学院新領域創成科学研究科 准教授
6. 研究成果の概要及び今後の展望 / Outline of research results and future prospects	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。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。これまでに、Cladonema pacificum から抽出したゲノムに対して、PacBioを使ったロングリード、Hi-Cでの染色体レベルのゲノムアセンブリを終了しており、現在投稿論文として成果をまとめているところである。また、遺伝子操作を行うために、これまでに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ているが、さらに分担者らがゲノム編集を確立している。これらの成果は、エダアシクラゲを使う研究者らの間で使える共通のマテリアルや方法として、強固な研究コミュニティを形成するために有用である。また、広く他の刺胞動物や非左右相称動物にも適用できる可能性がある。

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-04-28
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 田村 隆	部局 (Department)	職 (Job Title)
	所属機関 (Institute) 岡山大学大学院環境生命科学研究科	農学部	教授
	電話 (Phone no.)	FAX (FAX no.)	E-Mail

1. 種別 / Category	新規モデル生物開発共同利用研究 / Collaborative research projects for development of model organism
2. 課題番号 / Project number	25NIBB207
3. 研究課題名 / Research Project Title	5年で森を造る早生樹Acacia crassicarpaのRNAseq解析による階層生物学モデル構築と耐塩機構の解明
4. 所内対応者 / Host Reseacher	重信 秀治
5. 共同利用研究者(敬称略)	山口 勝司：基礎生物学研究所 中野朱莉：基礎生物学研究所 北窪優香：岡山大学大学院環境生命自然科学研究科
6. 研究成果の概要及び今後の展望 / Outline of research results and future prospects	キックオフミーティング開催 3月13日（金）13時半～15時 研究背景と研究目的，解析に要する試料の調製法，研究遂行における役割分担等の打合せと情報交換を行った

個別共同利用研究

25NIBB301 花卉の老化過程におけるオートファジーの重要性および鮮黄色アサガオの原因遺伝子の同定

吉本 光希 明治大学農学部

25NIBB302 葉の油滴に局在する新規タンパク質の解析

島田 貴士 千葉大学大学院園芸学研究員

25NIBB303 オカメコオロギの頭部変形機構の解明

大出 高弘 京都大学大学院農学研究科

25NIBB304 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

25NIBB305 制御系の進化から解き明かす始原的光合成超分子の環境適応原理

日原 由香子 埼玉大学大学院理工学研究科

25NIBB306 進化の過程で小型化した光化学系Ⅰ集光アンテナの種横断的な構造基盤解明

河合 寿子 山形大学理学部

25NIBB307 植物の重力応答機構の進化生物学的解析

檜本 悟史 北海道大学大学院理学研究科

25NIBB308 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

25NIBB309 頭索類ナメクジウオを用いた視覚系初期進化の解明

尾内 隆行 福井大学学術研究院医学系部門 形態機能医科学講座解剖学分野

25NIBB310 担子菌きのこ類の子実体形成におけるクロマチン関連因子の役割の解明

宮崎 安将 森林研究・整備機構森林総合研究所森林研究部門 きのこ・森林微生物研究領域

25NIBB311 ゼニゴケにおけるミオシンの機能解析

富永 基樹 早稲田大学教育・総合科学学術院

- 25NIBB312 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 国立遺伝学研究所情報研究系生命ネットワーク研究室
- 25NIBB313 ビタミン D 遺伝子改変ラットを用いたビタミン D の作用機序解明
安田 佳織 富山県立大学工学部 医薬品工学科
- 25NIBB314 変形菌ライブセルイメージング法の確立
矢島 由佳 室蘭工業大学大学院工学研究科
- 25NIBB315 共生細菌による昆虫の体色変化機構の分子基盤の解析
土田 努 富山大学学術研究部理学系
- 25NIBB316 複合共生系における宿主-共生細菌間の相互作用を支える分子機構の解明
頼本 隼汰 筑波大学生存ダイナミクス研究センター
- 25NIBB317 アブラムシ共生細菌のオス宿主に特有な動態と生理学的機能の解明
松田 直樹 京都大学大学院農学研究科
- 25NIBB318 成虫注射による昆虫のゲノム編集法の高度化
大門 高明 京都大学大学院農学研究科 応用生物科学専攻
- 25NIBB319 タヌキモ科植物におけるボディプランの進化過程の解明
片山 なつ 東京大学大学院理学系研究科
- 25NIBB320 ショウジョウバエ攻撃行動の AI による自動判定
堀 亜紀 金沢大学医薬保健研究域薬学系
- 25NIBB321 CT イメージングによる寄生性甲殻類フクロムシが宿主甲殻類に侵入後の組織形態の解明
豊田 賢治 広島大学統合生命科学研究科
- 25NIBB322 オオシロアリタケ属菌類の繁殖形質発生を制御する分子機構の解明
北條 優 琉球大学熱帯生物圏研究センター
- 25NIBB323 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

25NIBB324 ヒメツリガネにおける INDETERMINATE DOMAIN 転写因子ファミリーの機能解析

木嵯 暁子 静岡大学理学部

25NIBB325 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

25NIBB326 盗葉緑体现象を示すチドリミドリガイと、その餌藻類ヒメイチョウの高精度ゲノム解読

前田 太郎 慶應大学先端生命科学研究所

25NIBB327 ゼニゴケ精子の形成と運動制御システムの研究

南野 尚紀 福岡大学理学部

25NIBB328 ミヤコグサにおけるゲノム編集技術を用いた対象遺伝子の表現型への影響の検証

若林 智美 奈良先端科学技術大学院大学バイオサイエンス領域

25NIBB329 陸上植物有性生殖過程の核膜融合機構の解析

西川 周一 新潟大学理学部

25NIBB330 ライブイメージングとデータ駆動型数理モデルを用いたグルコース応答の情報処理機構の解明

佐野 浩子 久留米大学分子生命科学研究所

25NIBB331 アブラムシゲノムにコードされた細菌由来水平転移遺伝子の機能解析

中鉢 淳 豊橋技術科学大学先端農業・バイオリサーチセンター

25NIBB332 発酵建て藍染液に関わる微生物の共生メカニズムの解明

中川 香澄 岐阜大学応用生物科学部

25NIBB333 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

25NIBB334 Ogataea 酵母におけるエピジェネティックな接合型遺伝子発現制御の解明

前川 裕美 九州大学農学研究院

25NIBB335 過酷な生育環境を生き抜く微細藻類が持つユニークな光酸化ストレス防御機構の解明

川崎 信治 東京農業大学生命科学部分子微生物学科

25NIBB336 種子サイズを制御する新規遺伝子の機能解析

金井 雅武 東京農業大学生命科学部

25NIBB337 イオンビーム照射による植物におけるオーバーキリング現象の解明

富永 晃好 静岡大学農学部

25NIBB338 ゲノム編集を用いた、アフリカツメガエルの発生・再生における sonic hedgehog homeologs の発現と機能の解析

餅井 真 兵庫県立大学大学院理学研究科

25NIBB339 単細胞ホロゾアを用いた動物多細胞化メカニズム解明の加速

菅 裕 県立広島大学生物資源科学部

25NIBB340 極長鎖脂肪酸を介した植物の器官成長調節機構の解明

信澤 岳 広島大学大学院統合生命科学研究科

25NIBB341 植物における光に応答したオルガネラの相互関係

林 八寿子 新潟大学理学部

25NIBB342 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 昭和大学富士山麓自然・生物研究所

25NIBB343 植物色素アントシアニンの側鎖構造多様性機構の解明

森田 裕将 名城大学農学部

25NIBB344 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 大阪公立大学生活科学研究科 食栄養学分野

25NIBB346 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

25NIBB347 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

25NIBB348 molecular mechanisms of body axis segmentation in the Japanese eel (*a. japonica*) (continuation of research project from 2024)

ALI SELEIT EMBL Heidelberg Developmental Biology

25NIBB349 モウセンゴケ属の無機窒素応答機構の解明

愛知 真木子 中部大学応用生物学部

25NIBB351 昆虫の構造色形成メカニズムの解明

井上 慎太郎 徳島大学バイオイノベーション研究所

25NIBB352 種内多型を利用したテントウムシ斑紋形成メカニズムの解明

藤本 仰一 広島大学統合生命研究科

25NIBB353 単一細胞データからの遺伝子解析に向けた大規模基盤モデルの開発

山下 隆義 中部大学工学部

25NIBB354 ショウジョウバエ脂肪体における SAM 代謝動態と制御機構の解明

檜尾 宗志朗 東北大学加齢医学研究所

25NIBB355 メダカ属魚類の生殖隔離機構に関する研究

竹花 佑介 長浜バイオ大学バイオサイエンス学部

25NIBB356 生息温度が異なるカジカガエル類における精子運動能と有酸素性エネルギー代謝関連タンパク質の分子進化

井川 武 広島大学両生類研究センター

25NIBB357 マウス系統保存のための凍結精子作製

安部 力 福井大学学術研究院医学系部門

25NIBB358 タツノオトシゴの育児嚢における胎盤形成過程の観察

川口 眞理 上智大学理工学部物質生命理工学科

25NIBB359 サンゴと褐虫藻の共生機構の解明

高橋 俊一 琉球大学熱帯生物圏研究センター

25NIBB360 非モデル昆虫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

25NIBB362 ヒメツリガネゴケにおける膜脂質転換機構の解析

下嶋 美恵 東京科学大学生命理工学院

25NIBB363 加齢関連変化に関する自律神経系研究用マウス系統保存のための凍結精子作製

後藤 明弘 京都大学白眉センター

25NIBB364 スズメガ科昆虫の幼虫がもつ突起状構造物の生態形態学的研究

今田 弓女 京都大学理学研究科

25NIBB365 植物ホルモンの可視化に関する研究

林 謙一郎 岡山理科大学生命科学部生物科学科

25NIBB366 高温ストレス耐性イネ育種に向けた OsFBA6 の SUMO 化制御機構の解析

中川 颯也 新潟大学自然科学系 農学部

25NIBB367 ゼニゴケ糖転移酵素 POTI の機能解析

植村 知博 お茶の水女子大学基幹研究院・自然科学系

25NIBB368 モウセンゴケ属植物の花成および二次代謝産物生合成経路を制御する遺伝子群の機能的解明

加藤木 高広 東海大学総合農学研究所

25NIBB369 性的二型神経マーカー分子のマウス系統保存のための凍結精子作製

恒岡 洋右 東邦大学医学部

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-04-06
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 吉本 光希 所属機関 (Institute) 明治大学 電話 (Phone no.)	部局 (Department) 農学部 FAX (FAX no.)	職 (Job Title) 教授 E-Mail
1. 種別 / Category	個別共同利用研究 / Individual collaborative research projects		
2. 課題番号 / Project number	25NIBB301		
3. 研究課題名 / Research Project Title	花卉の老化過程におけるオートファジーの重要性および鮮黄色アサガオの原因遺伝子の同定		
4. 所内対応者 / Host Researcher	星野 敦		
5. 共同利用研究者(敬称略)	只木 亮哉：明治大学 農学研究科 生命科学専攻 大学院生 長谷川 雅美：明治大学 農学部 生命科学科 学部学生		
6. 研究成果の概要及び今後の 展望 / Outline of research results and future prospects	今年度は、受け入れ研究者の手助けにより昨年度までに獲得したATG7のRNAiライン（ATG7KD）の候補を用いて、オートファジーが花卉の老化に及ぼす影響を調査した。開花と花卉の老化を経時的に観察したところ、ATG7KDでは、野生型に比べ開花が遅くなり、閉花が早まる傾向があることを見出した。さらにATG7KDでは野生型と比較して種子の面積、円周が減少しただけでなく、花あたりの種子形成数が減少することを発見した。この結果は、オートファジーが花の開花・老化の正常な進行、および正常な子房形成に必要である可能性を示唆している。今後は今回の結果が複数のATG7KDラインでも再現するのか検証を進める予定である。加えて、アサガオの花弁由来のプロトプラストの調整法を確立した。今後はこのプロトプラストを用いたオートファジー活性の可視化方法の検討を行う。 以上の結果について、受け入れ研究者に報告し、今後の方針についてディスカッションを行った。		

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-04-01
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 島田 貴士 所属機関 (Institute) 千葉大学 電話 (Phone no.)	部局 (Department) 大学院園芸学研究院 FAX (FAX no.)	職 (Job Title) 准教授 E-Mail
--	--	---	--------------------------------

1. 種別 / Category	個別共同利用研究 / Individual collaborative research projects
2. 課題番号 / Project number	25NIBB302
3. 研究課題名 / Research Project Title	葉の油滴に局在する新規タンパク質の解析
4. 所内対応者 / Host Researcher	上田 貴志
5. 共同利用研究者(敬称略)	(該当なし)
6. 研究成果の概要及び今後の展望 / Outline of research results and future prospects	植物の葉では、ストレスに応答して油滴形成が誘導されるが、その役割は未解明である。本研究では、葉の油滴プロテオミクスにより同定された新規油滴局在タンパク質候補の機能解析を進め、葉の油滴がストレス耐性に果たす役割の解明を目指した。まず、タンパク質候補の中から、油滴とミトコンドリアとの細胞小器官間連携に関与する可能性があるタンパク質6種（ACX1～6）について、細胞内局在解析を行った。その結果、これらのタンパク質はペルオキシソームやミトコンドリアに局在したものの、油滴への局在は認められず、油滴形態にも影響を与えなかった。また、油滴への局在が明らかとなったリパーゼについて、シロイヌナズナにおいて自己プロモーター駆動下でリパーゼ-GFP融合タンパク質を発現する形質転換体を作出した。油滴誘導前後で細胞内局在を観察したところ、油滴誘導後には油滴に局在した一方、油滴誘導前には油滴ではない顆粒状構造体に局在することが明らかとなった。さらに、このリパーゼは油滴タンパク質であるLDAP1と結合するが、ホモログであるLDAP3とは結合しないことも明らかとなった。今後は、このリパーゼの細胞内局在がldap1変異体において変化するか、さらにストレス応答にどのような影響が現れるかを解析する。これらを通して、油滴を介した脂質代謝やストレス応答への寄与を明らかにする予定である。

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-04-02
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 大出 高弘 所属機関 (Institute) 京都大学 電話 (Phone no.)	部局 (Department) 大学院農学研究科 FAX (FAX no.)	職 (Job Title) 助教 E-Mail
--	--	--	-------------------------------

1. 種別 / Category	個別共同利用研究 / Individual collaborative research projects
2. 課題番号 / Project number	25NIBB303
3. 研究課題名 / Research Project Title	オカメコオロギの頭部変形機構の解明
4. 所内対応者 / Host Researcher	森田 慎一
5. 共同利用研究者(敬称略)	・新美 輝幸：基礎生物学研究所 進化発生研究部門 教授 ・米田 瑞穂：京都大学 大学院農学研究科 大学院生 ・歳藤 丈瑠：京都大学 大学院農学研究科 大学院生
6. 研究成果の概要及び今後の 展望 / Outline of research results and future prospects	基礎生物学研究所の共同利用設備であるX線マイクロCT装置（SKYSCAN 1272 CMOS Edition）を用い、ネッタイオカメコオロギ（ <i>Loxoblemmus equestris</i> ）における雄特異的頭部形態の形成機構を解析した。最終齢幼虫（N9）の脱皮後240時間の頭部サンプルをルゴール液で染色後、60 kV・80 μAの条件で360°撮像し、1.35～1.5 μmの解像度で三次元再構築した。VGSTUDIO MAXソフトウェアを用いてin silicoで頭部殻を仮想除去することにより、前額（frons）上皮のひだ構造を三次元的に可視化することが可能となった。その結果、雄では雌と比較して上皮ひだの密度と深さが有意に増大していることが定量的に示され、この雌雄差が最終脱皮のタイミングに連動して形成されることが明らかになった。マイクロCTによる三次元解析は、組織切片観察のみでは困難であった上皮折り畳みパターンの空間的把握を実現し、昆虫の系統特異的形態進化を駆動するしくみの解明に中心的な役割を果たした。今後はマイクロCTを活用して、上皮ひだの空間的パターンと外骨格形態の関係調査を進めることにより、昆虫の後胚期における変形を通じた多様な形態創出機構の解明を目指す。

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-03-31
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 宮川 信一 所属機関 (Institute) 東京理科大学 電話 (Phone no.)	部局 (Department) 先進工学部 FAX (FAX no.)	職 (Job Title) 教授 E-Mail
--	--	---	-------------------------------

1. 種別 / Category	個別共同利用研究 / Individual collaborative research projects
2. 課題番号 / Project number	25NIBB304
3. 研究課題名 / Research Project Title	発生期のホルモン環境に依存する生殖器官の発達
4. 所内対応者 / Host Researcher	渡辺 英治
5. 共同利用研究者(敬称略)	是永 悠貴：東京理科大学大学院先進工学研究科 大学院生 坂口 萌華：東京理科大学大学院先進工学研究科 大学院生 羽月 渚太：東京理科大学大学院先進工学研究科 大学院生 松橋 愛理：東京理科大学大学院先進工学研究科 大学院生 佐々木 彩花：東京理科大学先進工学部 大学生 高橋 遙奈：東京理科大学先進工学部 大学生
6. 研究成果の概要及び今後の展望 / Outline of research results and future prospects	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官の形態を定量的に評価することを目的としている。本年度は、ホルモン投与実験でマウス胚のホルモン環境を操作し、アンドロゲンを投与したオス化メスと、抗アンドロゲン剤（フルタミド）を投与したメス化オスのRNA-seq解析をおこなった。その結果、オス化に関連する58個、メス化に関連する78個の遺伝子を特定し、外生殖器官性分化に関わる136個の候補遺伝子セットを特定した（Hasegawa et al., 2025）。さらに、性成熟後の外生殖器官の形態的表現型パラメータ解析（外生殖器官の組織学的解析およびCTスキャンによる三次元的表現型解析）では、胎生期にアンドロゲンを曝露したメスの外生殖器官の尿道の管状化や、尿道や陰核骨の長さの増大、胎生期にアンドロゲン受容体阻害薬を曝露したオスの外生殖器官の陰茎断面積の縮小や陰茎骨の長さの減少、さらに、出生日に精巣を摘出したマウスにおける陰茎サイズの縮小や陰茎骨の顕著な矮小化などを定量的に解析した。今後、引き続き、胎生期のホルモン環境が成長後の表現型に影響を与えるメカニズムを解明していく予定である。

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-04-23
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 日原 由香子 所属機関 (Institute) 埼玉大学 電話 (Phone no.)	部局 (Department) 大学院理工学研究科 FAX (FAX no.)	職 (Job Title) 教授 E-Mail
--	---	---	-------------------------------

1. 種別 / Category	個別共同利用研究 / Individual collaborative research projects
2. 課題番号 / Project number	25NIBB305
3. 研究課題名 / Research Project Title	制御系の進化から解き明かす始原的光合成超分子の環境適応原理
4. 所内対応者 / Host Researcher	皆川 純
5. 共同利用研究者(敬称略)	・ 埼玉大学大学院理工学研究科 教授 日原由香子 ・ 埼玉大学大学院理工学研究科 特定助教 小川敬子
6. 研究成果の概要及び今後の展望 / Outline of research results and future prospects	我々は、地球上に広く分布する原核光合成生物のシアノバクテリアの光合成制御の普遍性と多様性を明らかにすることを目指し、公共データベースから多様な環境のメタトランスクリプトームデータを収集して再解析し、光合成関連遺伝子の発現プロファイルの比較を行っている。自然科学研究機構 岡崎共通研究施設 計算科学研究センターの計算機を利用し、これまで、淡水湖や海洋、温泉などの自然環境8か所で採取されたメタトランスクリプトームデータを再解析し、各環境で優占するシアノバクテリアの近縁種計10種の光合成関連遺伝子の発現プロファイルを比較した。その結果、日照変化に対する光化学系反応中心遺伝子の発現応答は、環境やシアノバクテリア種によらず共通したパターンを示すことを明らかにし、実環境における光化学系反応中心の発現制御が、普遍的なメカニズムにより行われることが示唆された。これらの研究成果は、2025年度中に開催された国際会議1件および国内学会5件（内1件は招待講演）において発表した。今後は、光化学系反応中心遺伝子の制御に関与すると考えられる候補因子の制御下にある遺伝子群を抽出し、それらの日照変化に対する応答性の解析を進め、実環境での光合成制御に重要となる因子の同定を目指す。更に、各環境で優占するシアノバクテリアの近縁種をカルチャーコレクションから入手し、実験室環境で培養条件を操作した際の遺伝子発現応答を解析する。これにより、メタトランスクリプトームデータの再解析により導かれた仮説を実験的に検証し、普遍的な光合成制御機構の実体を明らかにする。

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-04-27
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 河合 寿子 所属機関 (Institute) 山形大学 電話 (Phone no.)	部局 (Department) 理学部 FAX (FAX no.)	職 (Job Title) 准教授 E-Mail
--	--	---	--------------------------------

1. 種別 / Category	個別共同利用研究 / Individual collaborative research projects
2. 課題番号 / Project number	25NIBB306
3. 研究課題名 / Research Project Title	進化の過程で小型化した光化学系I集光アンテナの種横断的な構造基盤解明
4. 所内対応者 / Host Reseacher	皆川 純
5. 共同利用研究者(敬称略)	・ 河合 寿子：山形大学理学部 准教授 / Hisako KAWAI: Yamagata University, faculty of science, Associate Professor. ・ 皆川純：基礎生物学研究所 教授 / Jun MINAGAWA: National Institute for Basic Biology, Professor. ・ 吉田 拓也：基礎生物学研究所 超階層生物学センター 特任准教授 / Takuya YOSHIDA: Trans-Scale Biology Center, National Institute for Basic Biology, Project Associate Professor ・ 牧野 由美子：基礎生物学研究所 トランスオミクス解析室 技術職員/ Yumiko Makino: Trans-Omics Facility, National Institute for Basic Biology, Technical Officer ・ 森 友子：基礎生物学研究所 トランスオミクス解析室 技術職員 / Tomoko MORI: Trans-Omics Facility, National Institute for Basic Biology, Technical Officer ・ 河合 文啓：山形大学理学部 プロジェクト研究員/ Fumihiro KAWAI: Yamagata University, faculty of science, Project researcher. ・ 渡辺 里奈：渡辺里奈 山形大学 大学院理工学研究科(理系) 修士1年生 / Rina WATANABE: Yamagata University, Graduate School of Science and Engineering, First-year student in the master's program ・ 水澤 直樹：法政大学生命科学部生命機能学科 教授 / Naoki Mizusawa: Housei University, faculty of bioscience and applied chemistry

6. 研究成果の概要及び今後の展望 / Outline of research results and future prospects

光合成生物が持つ無機酸化物から有機化合物を作り出す能力は、極めて重要な生体反応である。生命を特徴づける炭素、窒素、硫黄などの元素は、大気や土壌中に二酸化炭素や硝酸などの無機酸化物として存在している。生物がこれら無機物を糖やアミノ酸のような有機物として利用するためには、それらを還元同化する必要がある。そのための強力な還元力を持つ電子を作り出しているのは植物や藻類、シアノバクテリアのチラコイド膜に存在する光化学系I(photosystem I:PSI)である。植物や緑藻のPSIは、その周囲に集光機能に特化したアンテナ(Light harvesting complex I:LHCI)を持つ。陸上植物は4分子(Lhca1~4)からなる小型アンテナを持つが、植物の祖先とされる緑藻は、9種類(Lhca1~9)からなる大型のアンテナを備えており、植物と比較して40%も多くのフォトンを集める能力を持つ。ストレプト植物で最も初期に分岐したメソスティグマ類 *Mesostigma viride* のPSIは、6分子からなるLHCIを持つと予想されている。しかし、メソスティグマ類以降に分岐したストレプト藻類のPSI及びPSIIのLHCに関する分子基盤と構造は未だ明らかにされていない。そこで本研究では、進化の過程にどのような過程を経てアンテナが小型化したのかを明らかにすることを目的とした。

本年度は、クレブソルミディウム(*Klebsormidium nitens*)、シャジクモ(*Chara australis*)のPSI-LHCIに加えて光化学系II(PSII)-LLHCIIの精製方法の改良を行った。具体的には、CN-PAGEで分離した複合体を効率的に溶出するエレクトロエリユート方法の改良に取り組み、純度の高いサンプルを得ることに成功した。得られたサンプルについて質量分析を行っていただいた結果、*K. nitens*では陸上型が持つLHCA1、3、4に加えてLHCA2/6の祖先と考えられるアンテナが同定された。これらのことから、*K. nitens*の基本的なPSI-LHCI構造は扇形PSIの弧側にPsaGからPsaKに向かって順にLHCA1、LHCA4、LHCA2/6祖先型、LHCA3からなる一層のLHCIベルトを持つことが示唆された。次に*C. australis*はPSIに結合するLHCA1、LHCA2、LHCA3、LHCA4、そしてPSIIに結合するモノマー型LHCのLHCB4、LHCB5、LHCB6とトライマー型LHC(LHCB1群)が同定された。これらのLHC構成は、緑藻や初期のストレプト藻類がもつLHC型を含まず、種子植物が備えるLHCセットと一致していたことから、*C. australis*はPSI、PSIIとも基本的には陸上型光化学系構造を有することが示唆された。さらに本年度は、褐虫藻がもつ光化学系IIの高純度精製に成功したため、質量分析を行っていただいた。その結果、PSIIの膜蛋白サブユニットのみではなく、酸素発生中心を保護する表在性蛋白質であるPsbOが含まれることが明らかになった。PsbOを保持した状態での褐虫藻PSII精製の報告はこれまでになく、本成果はサンゴ共生系における白化機構の分子基盤解明に向けた重要な進展と位置づけられる。加えて、シアノバクテリアの一種である*Anabaena*のPsbOが他の生物と比較して速やかに分解されるが、プロテアーゼインヒビターの添加により分解が抑制されるという現象を見いだしていた。この現象の分子機構を明らかにするため、異なる培養条件下で調製したPSII複合体について質量分析を実施していただいた結果、これまで未同定であったプロテアーゼの存在が明らかとなった。その結果、これまで見つかっていなかった蛋白質分解酵素が発見された。

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-04-28
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 榎本 悟史 所属機関 (Institute) 北海道大学 電話 (Phone no.)	部局 (Department) 大学院理学研究院 FAX (FAX no.)	職 (Job Title) 准教授 E-Mail
--	---	--	--------------------------------

1. 種別 / Category	個別共同利用研究 / Individual collaborative research projects
2. 課題番号 / Project number	25NIBB307
3. 研究課題名 / Research Project Title	植物の重力応答機構の進化生物学的解析
4. 所内対応者 / Host Researcher	森田 美代
5. 共同利用研究者(敬称略)	・ 榎本悟史:北海道大学大学院理学研究院 准教授 ・ 柚木湊人:北海道大学大学院生命科学院生命システム科学コース 大学院生 ・ 二見華琳:北海道大学理学部生物科学科生物学専修 学部学生 ・ 八城歩登:北海道大学理学部生物科学科生物学専修 学部学生
6. 研究成果の概要及び今後の 展望 / Outline of research results and future prospects	植物の重力応答機構の保存性を明らかにすることを目的として、昨年度に引き続き、ヒメツリガネゴケにおけるLZYの機能および細胞内動態の解析を進めた。昨年度の解析により、lzy変異体では原系体の成長方向がランダム化し、重力応答に基づく成長制御が破綻することが明らかとなり、コケ植物においてもLZY依存的な重力応答機構が機能していることが示唆された。本年度は、これらの知見を踏まえ、LZYの細胞内局在変化を直接可視化するためのライブイメージング系の確立を主目的として検討を行った。 まず、LZY-mScarlet13発現体を用いた観察を行ったが、得られた蛍光シグナルは主として自家蛍光に由来するものであり、LZYの明確な局在を可視化するには至らなかった。また、シグナル強度の向上を目的として過剰発現体の作製を試みたが、安定した発現系の確立には至らなかった。これらの結果から、ヒメツリガネゴケにおけるLZYの可視化には、蛍光タンパク質の選定や発現制御系のさらなる最適化が必要であることが明らかとなった。 加えて、重力応答に伴う分子動態の変化を検出するため、シロイヌナズナにおけるMELの重力屈性後の挙動を観察した。しかし、現行の観察条件においては、重力刺激に伴う明確な局在変化を捉えることはできなかった。このことは、重力応答に伴う分子動態の変化が微弱である、あるいは観察条件の時間分解能・空間分解能が不十分である可能性を示唆している。 以上のように、本年度は重力応答に関わる分子の可視化に向けた技術的検討を進める中で、現行の観察系の限界と改善すべき課題を明確化した。今後は、蛍光タンパク質および発現系の改良、ならびに観察条件の最適化を行うことで、重力応答に伴うLZYの細胞内動態の解明を目指す。

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-04-30
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 荻野 由紀子 所属機関 (Institute) 九州大学 電話 (Phone no.)	部局 (Department) 大学院農学研究院 FAX (FAX no.)	職 (Job Title) 准教授 E-Mail
1. 種別 / Category	個別共同利用研究 / Individual collaborative research projects		
2. 課題番号 / Project number	25NIBB308		
3. 研究課題名 / Research Project Title	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		
4. 所内対応者 / Host Researcher	渡辺 英治		
5. 共同利用研究者(敬称略)	・ 成瀬 清：基礎生物学研究所 バイオリソース研究室 特任教授/Kiyoshi Naruse: NIBB, Laboratory of BioResources, Professor ・ 亀井保博:基礎生物学研究所 生命熱動態研究室 RMC教授/Yasuhiro Kamei: NIBB, Laboratory for Biothermology, Professor ・ 安齋 賢：岡山大学 学術研究院 環境生命自然科学学域 教授/Ansai Satoshi: Okayama University, Professor		
6. 研究成果の概要及び今後の 展望 / Outline of research results and future prospects	本研究は、アンドロゲンによって誘導される二次性徴形質が、種間で急速に多様化した仕組みを解明することを目的としている。特に、アンドロゲン受容体の転写制御機構に着目し、エンハンサーの進化による下流標的遺伝子の獲得機構および、アンドロゲン受容体による標的遺伝子の組織特異的な転写制御機構について解析を行った。 インドネシア産セレベンスシスメダカメダカ雄に特徴的な二次性徴である臀鰭伸長に着目し、当該組織を対象としたクロマチン動態解析の条件検討を完了した。現在は、ATAC-seq によりアンドロゲン依存的なオープンクロマチン領域の同定と、その変動パターンの解析を進めている。さらに、本研究に関連する成果として、雄の形質として重要な精子運動能に関して、定量的評価法であるComputer-aided sperm analysisプロトコルを確立し、現在、論文として投稿中である。		

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-04-06
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 尾内 隆行 所属機関 (Institute) 福井大学 電話 (Phone no.)	部局 (Department) 学術研究院医学系部門 形態機能 医科学講座解剖学分野 FAX (FAX no.)	職 (Job Title) 助教 E-Mail
--	--	---	-----------------------------------

1. 種別 / Category	個別共同利用研究 / Individual collaborative research projects
2. 課題番号 / Project number	25NIBB309
3. 研究課題名 / Research Project Title	頭索類ナメクジウオを用いた視覚系初期進化の解明
4. 所内対応者 / Host Researcher	高橋 弘樹
5. 共同利用研究者(敬称略)	該当なし
6. 研究成果の概要及び今後の展望 / Outline of research results and future prospects	脊椎動物は脊索動物門に属し、明瞭な頭部を持つことが最大の特徴である。しかしながらその進化の歴史は不明な点が多かった。これまで我々はGP仮説を提唱し、祖先的な脊索動物に見られる中胚葉の遺伝子群が前後軸に沿って胚発生過程で分離することで頭部と体幹部が分かれ、頭部進化につながったことを示してきた(Onai et al., 2015, 2023)。本研究では、さらに視覚系を構成する外眼筋の初期進化に焦点を当て、ナメクジウオ胚を用いてscRNAseqデータと超微細構造連続切断面(SBF-SEM)データを比較することで、外眼筋の進化を可能にする発生場の探索を行った。scRNAseqデータからは、脊椎動物の外眼筋が生じるprechordal mesendodermに対応するanteior gut regionに特徴的な遺伝子クラスターが見つかった。SBF-SEMデータからは、このanterior gutの細胞集団の形態的特徴が得られ、これまで報告されていたような一様な腸管とは大きく異なる複雑な前腸の組織学的、形態的パターンが見つかった。現在これらのデータを統合するためHCRの実験系を立ち上げている。今後は、anterior gutの遺伝的、形態的特徴を取得し、数理的に圧縮することで視覚的に進化する発生空間を可視化する方法論を設計する予定である。

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-04-20
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 宮崎 安将 所属機関 (Institute) 森林研究・整備機構 電話 (Phone no.)	部局 (Department) 森林総合研究所 森林研究部門 きのこ・森林微生物研究領域 FAX (FAX no.)	職 (Job Title) 主任研究員 E-Mail
--	---	---	--------------------------------------

1. 種別 / Category	個別共同利用研究 / Individual collaborative research projects
2. 課題番号 / Project number	25NIBB310
3. 研究課題名 / Research Project Title	担子菌きのこ類の子実体形成におけるクロマチン関連因子の役割の解明
4. 所内対応者 / Host Researcher	中山 潤一
5. 共同利用研究者(敬称略)	・宮崎 安将：森林総合研究所 きのこ研究室長 / Yasumasa MIYAZAKI: Forestry and Forest Products Research Institute, Head of mushroom lab.
6. 研究成果の概要及び今後の展望 / Outline of research results and future prospects	提案代表者らは、担子菌きのこ類の子実体形成をはじめとした真菌類の形態変化の分子メカニズムの解明を目指し、以下の研究を行った。 ①分裂酵母Shizosaccharomyces pombeのクロマチン構造制御因子であるSwi6の遺伝子に関し、Joint Genome Institute、Mycoweb等データベースの遺伝情報（ゲノム配列等）を利用し、きのこ類ではモデル生物とされるネナガノヒトヨタケCoprinopsis cinereaの栄養増殖菌糸からSwi6相同遺伝子と予想される当該遺伝子cDNA断片に得た。これら分裂酵母Swi6及びネナガノヒトヨタケ相同遺伝子を、きのこ類の形質転換ベクターの1つであるpPHT1にクローニングに成功した。今後、得られた両コンストラクトを用いてきのこ類の形質転換体の作成を試み、どのような表現型が見られるのか解析していく予定である。 ②上記きのこ類に対する形質転換実験と並行し、S.pombeの発現ベクターであるpAUR224にもS.pombe Swi6及びC.cinerea Swi6相同遺伝子を挿入したプラスミドを構築した。これらプラスミドをS.pombeに導入したところ、形質転換コロニーが得られなかった。培養時間等の調整が上手く出来なかった、あるいはクローニングの際のプラスミドの変異挿入等が考えられ、引き続き実験を行う予定である。 ③分裂酵母や出芽酵母で利用されている四分子分析装置を用いて、まず分裂酵母の単胞子を分離する技術を習熟し、実際にきのこ類の単胞子の分離を試みた。その結果、シイタケ及びブナシメジの担子胞子を純粋分離することができ、以前の報告通り胞子発芽率は低いものの、純粋な1核菌糸体を複数得ることに成功した。この技術を応用し、きのこ類ではほぼ確立されていない1つの担子胞子囊からの8つ全ての胞子を分離、解析することができるになれば、これまで非常に困難とされたきのこ類の遺伝学的解析を行う技術基盤の整備につながると期待される。

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-04-28
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 富永 基樹 所属機関 (Institute) 早稲田大学 電話 (Phone no.)	部局 (Department) 教育・総合科学学術院 FAX (FAX no.)	職 (Job Title) 教授 E-Mail
--	---	--	-------------------------------

1. 種別 / Category	個別共同利用研究 / Individual collaborative research projects
2. 課題番号 / Project number	25NIBB311
3. 研究課題名 / Research Project Title	ゼニゴケにおけるミオシンの機能解析
4. 所内対応者 / Host Reseacher	上田 貴志
5. 共同利用研究者(敬称略)	富永基樹 早稲田大学教育・総合科学学術院 教授 内田柊哉 早稲田大学大学院先進理工学研究科 大学院生 大西健人 早稲田大学大学院先進理工学研究科 大学院生
6. 研究成果の概要及び今後の展望 / Outline of research results and future prospects	本研究は、遺伝子冗長性の少ない基部陸上植物「ゼニゴケ」をモデルとして用い、植物における基本的なミオシン生理機能および、細胞内輸送システムの解明を目的とする。植物は、ミオシンVIIIおよびXIを有するが、主としてオルガネラ輸送に関与すると考えられているのはミオシンXIである。そこで、上田貴志教授・金澤建彦助教より供与いただいたゼニゴケミオシンXI機能欠損変異株をベースとして機能解析を進めている。 前年度までの共同研究において、当該変異体および申請者らで作出した相補株の表現型解析から、ミオシンXIの機能的重要性は、固着器官である仮根の形態形成において特に大きい可能性が示唆された。一方で、仮根でのミオシン蛍光シグナルの観察が困難であり、仮根におけるミオシンXIの振る舞いは不明であった。 本年度は、まずライン選抜を進め、相補株のうち仮根においてミオシンXI動態を観察可能な系統を選抜した。また観察されたミオシンXI動態を手がかりとして、仮根でのオルガネラ輸送を安定して観察するための条件検討を行い、アクトミオシン系に関連する輸送現象を可視化する手法を確立した。 現在の課題は、得られている相補株の表現型回復が、形態および流動の両面で部分的にとどまっている点である。したがって今後の展望としては、動態解析の結果と表現型とをより強く結びつけるため、より良好に相補する株の作出を進めたい。加えて、上田貴志教授らがRAB GTPaseを専門としている強みを活かし、ミオシンXIが仮根内のどのコンパートメント輸送をどのように担うのか、RAB群を指標として明らかにしていきたい。

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-04-02
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 越水 静 所属機関 (Institute) 国立遺伝学研究所 電話 (Phone no.)	部局 (Department) 情報研究系生命ネットワーク研 究室 FAX (FAX no.)	職 (Job Title) 助教 E-Mail
--	---	--	-----------------------------------

1. 種別 / Category	個別共同利用研究 / Individual collaborative research projects
2. 課題番号 / Project number	25NIBB312
3. 研究課題名 / Research Project Title	花の構造色を発色する微細構造の形成メカニズム解明
4. 所内対応者 / Host Researcher	星野 敦
5. 共同利用研究者(敬称略)	該当なし
6. 研究成果の概要及び今後の 展望 / Outline of research results and future prospects	本研究では、構造色の発色に必要な微細構造の形成メカニズムを明らかにすることを目的とし、1枚の花弁で微細構造を形成する領域と形成しない領域を作り分けるギンセンカ（Hibiscus trionum）を材料として用いている。これまでの研究成果から、①クチン成分の合成に関わる候補因子の絞り込みに成功した。さらに②ATR法による解析では微細構造を形成する領域でのみでクチン由来と考えられるピークが検出されたほか、③AFM計測により、予備の結果ではあるが、微細構造を形成する領域と形成しない領域とで弾性率に差が存在することが示唆された。 ①について、申請者はすでにギンセンカの形質転換系を確立しており、mClover3発現コンストラクトを用いた場合、25%前後の効率で形質転換体を取得できている。本年度は候補因子の機能解析に向け、ゲノム編集用コンストラクトを作製し形質転換を行った。当該コンストラクトはmClover3発現用よりも大型であるため、効率は低下したものの、14個体の変異体作製に成功した。個体の成長を待ち、ターゲット遺伝子の変異導入効率を調べる予定である。一方で、候補因子はクチクラ層形成に重要であるため、ノックアウトは変異体の生育そのものに影響を与える可能性がある。そのため、花弁特異的なノックダウン系の構築も並行して進めている。本申請の所内対応者である星野助教の協力のもと、同助教が開発した花弁特異的プロモーターのギンセンカへの適用可能性を検証するため、当該プロモーター下でGUSを発現するコンストラクトを導入した。その結果、5個体の変異体を得たが、GUS染色にムラが生じており、現在染色条件の最適化を行なっている。 ②について、クチクラ層成分の詳細な解析を目的としてクチンの質量分析（MS）を試みたが、未同定の化合物が多く含まれていたため、定性・定量の双方で解析が困難であった。そこでクチンの関与をより直接的に検証するため、クチナーゼ（クチン分解酵素）処理による分解を試み、凹凸構造の変化をTEMにより観察した。しかし、コントロールとの明確な差は観察されなかった。クチンは強い疎水性を有するため、水系溶媒中のクチナーゼが十分に基質へアクセスできていない可能性も考えられた。そのため、今後アルカリメタノリシスによるクチンの加水分解を実施する予定である。本手法は、メタノール中でのアルカリ処理によりエステル結合を切断し、クチンをメチルエステル化モノマーとして可溶化する。この処理によって層が消失した場合、その構造がクチンに由来する可能性と整合的な結果が得られる。 ③について、弾性体に張力や圧力が作用してしわ構造が形成される物理現象が知られており、Airoidiら（2021）は花弁細胞の伸長に伴う張力によって微細な凹凸構造が形成される可能性を提唱している。クチンはクチクラ層の強度や弾性に寄与する成分であるため、その分布が微細構造の形成に影響を与える可能性がある。予備実験において示唆されていた弾性率の差について、本実験の結果、微細構造を形成する領域としない領域とで弾性率に有意な差が検出された。今後は、候補因子のノックアウトまたはノックダウン個体における弾性率の比較を通じて、クチクラ成分と力学特性との関係を明らかにする予定である。

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-04-08
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 安田 佳織 所属機関 (Institute) 富山県立大学 電話 (Phone no.)	部局 (Department) 工学部 医薬品工学科 FAX (FAX no.)	職 (Job Title) 准教授 E-Mail
--	--	--	--------------------------------

1. 種別 / Category	個別共同利用研究 / Individual collaborative research projects
2. 課題番号 / Project number	25NIBB313
3. 研究課題名 / Research Project Title	ビタミンD遺伝子改変ラットを用いたビタミンDの作用機序解明
4. 所内対応者 / Host Researcher	森田 慎一
5. 共同利用研究者(敬称略)	安田佳織：富山県立大学 准教授 榊 利之：富山県立大学 特別研究教授 木瀬智子：金沢大学医学専攻 大学院生／富山県立大学 特別研究学生
6. 研究成果の概要及び今後の展望 / Outline of research results and future prospects	ビタミンDは、活性型である1α,25-ジヒドロキシビタミンD3(1,25D3)がビタミンD受容体(VDR)に結合して種々の生理作用を示すと考えられてきたが、近年、25-ヒドロキシビタミンD3(25D3)の直接作用やVDRを介さない25D3および1,25D3の作用、リガンド非結合型VDRの作用の存在が示唆されている。我々はこれまでに、ゲノム編集法により複数のビタミンD関連遺伝子改変ラットを作成し、それらの性状比較や血中パラメーター比較から、ビタミンD作用機序解明を目指してきた。中でも、天然のリガンドである25D3や1,25D3が全く結合できない変異を有する変異型VDR(R270L/H301Q)ラットは、申請者ら独自のものであり、世界初の知見が得られることが期待される。これら複数のラットのうち、VDR-KOラットのみで顕著な脱毛や皮膚異常が見られたことから、皮膚におけるVDRおよびビタミンDの作用機序を解明する目的で、これまでに、野生型（WT）、変異型VDR(R270L/H301Q)、VDR-KOラット（30週齢）の皮膚の遺伝子発現網羅的解析を行い、VDR-KOラットでは、WTやVDR(R270L/H301Q)ラットと遺伝子発現パターンが大きく異なり、Shh、Wnt、Bmpシグナル伝達経路に関与する因子や毛髪ケラチンの発現が著しく低下する一方で、表皮ケラチンの発現が顕著に増加することを明らかにしてきた。 上記結果は、皮膚異常が顕著である30週齢ラットを用いたものであるが、より初期における以上原因を探る目的で、本年度は、皮膚異常が認められない5週齢ラットを用いて、RNA-seq（外注）およびデータ解析、さらにリビドーム解析を行った。その結果、VDR-KOラットにおいてのみ脂質代謝に関連する変化が認められ、コレステロールエステルの蓄積に加え、Hmgcs2などのPPAR関連遺伝子の発現上昇が観察された。これらの変化は、皮膚異常が顕在化する以前の段階において、すでに脂質代謝および細胞応答の変化が生じていることを示唆している。 これらの結果から、VDR欠損により核内受容体を含む転写制御ネットワークのバランスが変化し、PPARを含む脂質代謝関連シグナルが変調している可能性が考えられる。このような初期変化が蓄積することで、最終的に皮膚恒常性の破綻および皮膚異常の発現につながる可能性が示唆された。現在、これらの分子機構を明らかにするためのさらなる検討を進めている。

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-04-28
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 矢島 由佳 所属機関 (Institute) 室蘭工業大学 電話 (Phone no.)	部局 (Department) 大学院工学研究科 FAX (FAX no.)	職 (Job Title) 准教授 E-Mail
--	--	--	--------------------------------

1. 種別 / Category	個別共同利用研究 / Individual collaborative research projects
2. 課題番号 / Project number	25NIBB314
3. 研究課題名 / Research Project Title	変形菌ライブセルイメージング法の確立
4. 所内対応者 / Host Reseacher	亀井 保博
5. 共同利用研究者(敬称略)	林健太郎：基礎生物学研究所 バイオイメージング解析室 特任助教
6. 研究成果の概要及び今後の 展望 / Outline of research results and future prospects	変形菌(真正粘菌)はアメーボゾアに属し、多核単細胞の変形体から胞子を内包した比較的大型の子実体を形成することで、他のアメーバ類から区別されている。しかしその特徴が障壁となり、オルガネラレベルでライブセルイメージングをするには現状多くの課題がある。本研究では変形菌細胞発現ベクターならびに変形菌形質転換株の作出を目指し、基礎生物学研究所の亀井研究室と共同研究を実施している。今年度はプロモーターと蛍光タンパク質を導入したプラスミドを作成し、変形菌へのプラスミド導入と蛍光顕微鏡による発現確認を実施した。今後は核への移行に向けてさらなる必要配列の取得、ベクターの作製ならびに形質転換株の作出を進める予定である。

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-04-23
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 土`田 努 所属機関 (Institute) 富山大学 電話 (Phone no.)	部局 (Department) 学術研究部理学系 FAX (FAX no.)	職 (Job Title) 准教授 E-Mail
--	--	--	--------------------------------

1. 種別 / Category	個別共同利用研究 / Individual collaborative research projects
2. 課題番号 / Project number	25NIBB315
3. 研究課題名 / Research Project Title	共生細菌による昆虫の体色変化機構の分子基盤の解析
4. 所内対応者 / Host Researcher	重信 秀治
5. 共同利用研究者(敬称略)	・土`田 努 富山大学学術研究部理学系 准教授 / Tsutomu TSUCHIDA: University of Toyama, faculty of science, academic assembly, associate professor ・小野 満里奈 富山大学大学院理工学研究科 大学院生 / Marina Ono: University of Toyama, graduate School of science and engineering, graduate student
6. 研究成果の概要及び今後の展望 / Outline of research results and future prospects	動物の体色は、種の認識、配偶者間競争、隠蔽色・警告色・擬態など、生態的に重要な役割を担っている。欧米に分布するエンドウヒゲナガアブラムシには、同一種内に赤色と緑色の表現型が存在し、捕食者や寄生者に対する生存戦略が異なることが知られている。我々は、本種から新規の共生細菌Rickettsiellaを発見し、自然界における緑色個体の一部は、本来赤色の個体が共生細菌によって体色変化を起こしたものであることを明らかにした（Tsuchida et al., 2010）。これは、宿主の体色決定に共生微生物が寄与することを世界で初めて示した成果であり、生物の生態や環境適応の理解に新たな視座を与えるものである。これまでの解析により、Rickettsiellaは宿主の成長や繁殖に悪影響を及ぼすことなく、緑色素viridaphinの産生を活性化させることが示唆されている。本研究課題では、この「細菌による宿主の緑色化」の分子機構の解明を目指している。これまでに、viridaphin合成には宿主の特定の脂肪酸合成酵素遺伝子が関与している可能性が浮上した。本項目では、CRISPR/Cas9システムを用いて当該遺伝子をノックアウトし、表現型への影響を評価する。 2025年度は、基礎生物学研究所で開催されたアブラムシ対象のゲノム編集講習会に参加し、技術習得とともに実際の編集実験を実施した。ゲノム編集処理を施した卵の一部を用いてAmplicon-seq解析を行った結果、最大94%という高い編集効率を確認された。一方、残りの卵を富山大学へ移送した際、現地の高湿度環境等の影響により孵化率が著しく低下し、多くの個体を失うという事態に直面した。しかし、少数の生存個体からクローン系統の確立に成功し、現在、標的遺伝子の変異の有無を確認中である。 今後は、これら生存個体の中からノックアウト個体（crispant）の同定を進めるとともに、目的の個体が得られなかった場合には、今回の経験を踏まえた環境制御下で再度ゲノム編集実験を実施する。また、Rickettsiella感染システムを用いた編集実験を並行して進めるため、孵化効率に優れた交配親系統の選定を継続し、分子機構解明の加速を図る。

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-04-24
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 頼本 隼汰 所属機関 (Institute) 筑波大学 電話 (Phone no.)	部局 (Department) 生存ダイナミクス研究センター FAX (FAX no.)	職 (Job Title) 助教 E-Mail
--	--	--	-------------------------------

1. 種別 / Category	個別共同利用研究 / Individual collaborative research projects
2. 課題番号 / Project number	25NIBB316
3. 研究課題名 / Research Project Title	複合共生系における宿主-共生細菌間の相互作用を支える分子機構の解明
4. 所内対応者 / Host Researcher	重信 秀治
5. 共同利用研究者(敬称略)	大澤 園子： 基礎生物学研究所 技術職員 山田 拓： 基礎生物学研究所 大学院生
6. 研究成果の概要及び今後の展望 / Outline of research results and future prospects	本年度は、当初計画していた時系列トランスクリプトームのライブラリ作成、RNAi法の確立、およびMALDIイメージング質量分析法については着手に至らなかった。一方で、以下の関連する進展が得られた。 空間トランスクリプトーム解析の前段階として、ササコナフキツノアブラムシの凍結ブロック作成およびクライオスタートの操作について基礎生物学研究所の大澤技術職員から指導を受け、自ら条件検討を実施した。また、ECisHCR法の条件検討を進め、本種への適用を確立した。bulk RNA-seqの結果から共生器官に発現していることが示唆された複数の遺伝子について染色を行い、共生器官の発生過程においても発現していることを確認した。 さらに、ササコナフキツノアブラムシの近縁種であるエゴノネコアシアブラムシおよびヒエツノアブラムシについて、幼虫凍結切片および全身embryoサンプルを用いてFISHにより共生細菌を染色し、共焦点レーザー顕微鏡（FV1000）で観察を行った。本研究についてはbioRxivにプレプリントを公開した（https://doi.org/10.1101/2025.07.09.664008）。

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-04-01
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 松田 直樹 所属機関 (Institute) 京都大学 電話 (Phone no.)	部局 (Department) 大学院農学研究科 FAX (FAX no.)	職 (Job Title) 特定助教 E-Mail
--	--	--	---------------------------------

1. 種別 / Category	個別共同利用研究 / Individual collaborative research projects
2. 課題番号 / Project number	25NIBB317
3. 研究課題名 / Research Project Title	アブラムシ共生細菌のオス宿主に特有な動態と生理学的機能の解明
4. 所内対応者 / Host Researcher	重信 秀治
5. 共同利用研究者(敬称略)	大澤 園子：自然科学研究機構基礎生物学研究所 進化ゲノミクス研究室 技術職員
6. 研究成果の概要及び今後の展望 / Outline of research results and future prospects	これまでの研究により、ブフネラを除去したオスでは外骨格上の黒い着色が阻害されることが明らかになった。また、AFMを用いてアブラムシの肢のクチクラの硬さを定量することにより、ブフネラの除去がオスのクチクラの硬さを減少させることが明らかになった。これらの結果から、ブフネラはオスにおいてクチクラの発達に寄与することが示唆された。現在これらの結果をまとめて論文執筆を進めており、今後は必要に応じて追加データを取得する予定である。 オスにおけるブフネラ細胞数の動態を定量した結果、羽化後の数日間で大きく減少することを明らかにした。この背景にあるメカニズムを明らかにするため、オスと胎生メスの共生器官のRNAシーケンス、in situ hybridizationおよびタンパク質に対する免疫化学染色を行った結果、エンドソーム-リソソーム系がブフネラの分解に関与することが示唆された。TEMを用いた解析でもブフネラの分解を示唆する結果が観察できた一方で、ブフネラがリソソームに包まれている様子のTEM画像は現在までに得られていない。今後もTEMによる詳細な観察を継続する必要がある。

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-04-27
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 大門 高明 所属機関 (Institute) 京都大学 電話 (Phone no.)	部局 (Department) 大学院農学研究科 応用生物科 学専攻 FAX (FAX no.)	職 (Job Title) 教授 E-Mail
--	--	---	-----------------------------------

1. 種別 / Category	個別共同利用研究 / Individual collaborative research projects
2. 課題番号 / Project number	25NIBB318
3. 研究課題名 / Research Project Title	成虫注射による昆虫のゲノム編集法の高度化
4. 所内対応者 / Host Researcher	重信 秀治
5. 共同利用研究者(敬称略)	大門 高明：京都大学大学院農学研究科 教授 / Takaaki DAIMON: Kyoto University, graduate school of agriculture, professor 稲田 圭：京都大学大学院農学研究科 大学院生 / Kei INADA: Kyoto University, graduate school of agriculture, graduate student 依田 真一：基礎生物学研究所 特任助教 / Shinichi YODA: National Institute for Basic Biology, assistant professor 新美 輝幸：基礎生物学研究所 教授 / Teruyuki NIIMI: National Institute for Basic Biology, professor
6. 研究成果の概要及び今後の展望 / Outline of research results and future prospects	ssODNテザリングタグとして、HUHエンドヌクレアーゼの1つであるPCV Rep2の部分配列（PCVタグ）を評価した。その結果、PCVタグの付加により、Cas9のgDNA切断活性が顕著に向上することが明らかになった。その理由として、PCVタグがNLS活性をもつことを見出した。また、ssODNをHUH-Cas9にテザリングすることにより、成虫注射と胚注射の両方において、ssODNノックイン効率が上昇することが判明した。コオロギの胚子においては、比較的長い塩基配列（93-nt, 3xHA tag）もノックインすることができた。以上の成果を投稿論文として公表した（Shirai et al. 2026 Commun Biol）。 今後は、より長いDNA配列のノックインが可能であるか、HUH-Cas9とssDNA（1-kb以上）の組み合わせをテストする予定である。

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-04-30
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 片山 なつ 所属機関 (Institute) 東京大学 電話 (Phone no.)	部局 (Department) 大学院理学系研究科 FAX (FAX no.)	職 (Job Title) 准教授 E-Mail
--	--	---	--------------------------------

1. 種別 / Category	個別共同利用研究 / Individual collaborative research projects
2. 課題番号 / Project number	25NIBB319
3. 研究課題名 / Research Project Title	タヌキモ科植物におけるボディプランの進化過程の解明
4. 所内対応者 / Host Researcher	長谷部 光泰
5. 共同利用研究者(敬称略)	該当なし
6. 研究成果の概要及び今後の展望 / Outline of research results and future prospects	一般的な被子植物では、胚発生の過程でシュート頂分裂組織（SAM）と根端分裂組織（RAM）が形成され、発芽後に根・茎・葉からなる鉛直軸のボディプランが確立される。一方、タヌキモ科植物では、科内でRAMの喪失とシュート形態の多様化が生じており、特にタヌキモ属では根・茎・葉の境界が曖昧な独自のシュート構造が形成される。本研究では、タヌキモ科における新奇ボディプランの進化過程を明らかにするため、ムシトリスミレ属、ゲンリセア属、タヌキモ属の3属を対象に、胚発生過程を解剖学的に比較した。特に、RAM形成、SAM形成、子葉形成、維管束形成に着目し、典型的な被子植物の鉛直ボディプランからの逸脱が、胚発生のどの段階で生じるのかを検討した。 解析には、共同利用研究において長谷部教授より提供いただいたタヌキモ科植物のサンプルを用いた。対象とした植物は、ムシトリスミレ属の <i>Pinguicula gigantea</i> および <i>Pinguicula primuliflora</i>、ゲンリセア属の <i>Genlisea hispidula</i>、タヌキモ属の <i>Utricularia subulata</i> である。各種の胚および実生を観察し、胚発生段階ごとの細胞配置、QC前駆細胞、SAM様構造、子葉、維管束の形成を比較した。 ムシトリスミレ属では、比較的典型的な被子植物に近い胚発生様式が観察された。<i>Pinguicula gigantea</i> では、8細胞期から16細胞期にかけて頂端領域と基部領域の分化が進み、その後、SAM、QC、維管束の形成が確認された。このことから、本種ではQC形成を伴うRAM形成が維持されていると考えられる。一方、<i>P. primuliflora</i> ではQCとSAMが観察されたものの、子葉は1枚のみ形成され、ムシトリスミレ属内でも子葉形成には種間差があることが示唆された。 ゲンリセア属の <i>Genlisea hispidula</i> では、球状胚期にQC前駆細胞が観察されたが、心臓型胚期以降には明瞭なRAMは確認されなかった。したがって、ゲンリセア属ではQC前駆細胞は一時的に始原するものの、その後RAMとして維持されず、周囲の組織へと発生運命が変化する可能性がある。一方で、胚発生中に2枚の子葉と維管束が形成されており、RAM喪失後も子葉形成や維管束形成は胚発生中に進行することが示された。 タヌキモ属の <i>Utricularia subulata</i> では、球状胚期において原根層細胞からQC前駆細胞が始原する様子は観察されず、成熟胚までRAM形成は認められなかった。また、胚発生中に明瞭な子葉や維管束は観察されず、これらは発芽後に初めて形成された。発芽後には子葉様器官の一方がストロンへと成長することから、タヌキモ属の独自のボディプラン形成には、RAM形成プログラムの早期喪失に加え、子葉形成および維管束形成の時期の変化が関与している可能性がある。さらに、ゲンリセア属とタヌキモ属では、最外層1層と内部2層からなるSAM様構造が観察された。 本研究により、タヌキモ科3属ではRAM喪失の程度が段階的に異なることが明らかになった。ムシトリスミレ属ではQCを伴うRAM形成が維持され、ゲンリセア属ではQC前駆細胞は始原するもののRAMとして維持されず、タヌキモ属ではQC前駆細胞の始原自体が観察されなかった。 また、子葉形成と維管束形成についても、ムシトリスミレ属およびゲンリセア属では胚発生中に進行するのに対し、タヌキモ属では発芽後に初めて観察された。これらの結果は、タヌキモ属の新奇ボディプランが、胚発生初期におけるRAM形成プログラムの喪失と、器官形成時期の変化によって成立している可能性を示している。今後は、RAM形成関連遺伝子、SAM関連遺伝子、オーキシン応答・輸送関連遺伝子の発現解析を行うことで、タヌキモ科における根の喪失とシュート多様化の分子発生基盤を明らかにする必要がある。

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-04-01
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 堀 亜紀 所属機関 (Institute) 金沢大学 電話 (Phone no.)	部局 (Department) 医薬保健研究域薬学系 FAX (FAX no.)	職 (Job Title) 助教 E-Mail
--	---	--	-------------------------------

1. 種別 / Category	個別共同利用研究 / Individual collaborative research projects
2. 課題番号 / Project number	25NIBB320
3. 研究課題名 / Research Project Title	ショウジョウバエ攻撃行動のAIによる自動判定
4. 所内対応者 / Host Researcher	渡辺 英治
5. 共同利用研究者(敬称略)	・堀 亜紀：金沢大学医薬保健研究域薬学系 助教 / Aki HORI: Kanazawa University, Faculty of Pharmacy, Institute of Medical, Pharmaceutical and Health Sciences, assistant professor ・倉石 貴透：金沢大学新学術創成研究機構 教授 / Takayuki KURAISHI: Kanazawa University, Institute for Frontier Science Initiative, professor
6. 研究成果の概要及び今後の展望 / Outline of research results and future prospects	昨年度試作した輝度変化（ΔI）と個体間距離（Dt）を組み合わせた攻撃行動自動定量手法について、定量指標の統計的定式化と精度検証を完了した。両条件を同時に満たすフレームの割合を「攻撃関連フレーム比率（AAFR）」として定義し、熟練者による手動カウントとの間に有意な正の相関を確認した（Spearman ρ = 0.715）。今後は、多様な攻撃行動パターンへの対応を図りたい。

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-04-25
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 豊田 賢治 所属機関 (Institute) 広島大学 電話 (Phone no.)	部局 (Department) 統合生命科学研究科 FAX (FAX no.)	職 (Job Title) 助教 E-Mail
1. 種別 / Category	個別共同利用研究 / Individual collaborative research projects		
2. 課題番号 / Project number	25NIBB321		
3. 研究課題名 / Research Project Title	CTイメージングによる寄生性甲殻類フクロムシが宿主甲殻類に侵入後の組織形態の解明		
4. 所内対応者 / Host Researcher	新美 輝幸		
5. 共同利用研究者(敬称略)	・ 森田 慎一：基礎生物学研究所, 助教 / Shin-ichi Morita: National Institute for Basic Biology, Assisstant professor ・ 梶本 麻未：神奈川大学, 客員研究員 / Asami Kajimoto: Kanagawa University, PostDoc		
6. 研究成果の概要及び今後の展望 / Outline of research results and future prospects	2024年度はエクステルナの発達したイワガニとホンヤドカリ類を用意し、エクステルナに直接ルゴール液を顕微注入してCT撮影を試みたが、残念ながらインテルナのイメージングには至らなかった。改善案として、今年度は宿主と寄生種が生きた状態で100%ルゴール液をフクロムシのエクステルナに注入して、エクステルナを介して宿主体内に伸びるインテルナに造影剤が浸潤するか検討を行なった。残念ながら予想に反してインテルナまでルゴール液が到達しなかったためエクステルナとインテルナのCTイメージングは成功していない。		

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-04-07
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 北條 優 所属機関 (Institute) 琉球大学 電話 (Phone no.)	部局 (Department) 熱帯生物圏研究センター FAX (FAX no.)	職 (Job Title) 協力研究員 E-Mail
--	---	---	----------------------------------

1. 種別 / Category	個別共同利用研究 / Individual collaborative research projects
2. 課題番号 / Project number	25NIBB322
3. 研究課題名 / Research Project Title	オオシロアリタケ属菌類の繁殖形質発生を制御する分子機構の解明
4. 所内対応者 / Host Reseacher	重信 秀治
5. 共同利用研究者(敬称略)	該当なし
6. 研究成果の概要及び今後の展望 / Outline of research results and future prospects	概要 日本のキノコシロアリであるタイワンシロアリ <i>Odontotermes formosanus</i> は、八重山諸島および沖縄島の一部地域に生息している。RNA-seq に用いるための子実体の発生段階を追った菌園サンプルを入手することを目的として、石垣島において子実体発生期にフィールド調査を行った。得られた菌園サンプルから効率的なRNA抽出方法を検討した。 菌園サンプルの採取結果 日本においてタイワンシロアリによって栽培される 2 種のオオシロアリタケ属 <i>Termitomyces</i> の菌糸サンプルを採取するため、石垣島のタイワンシロアリ生息地において、2025年4月から6月にかけて 2 週間ごとに土中から菌園を探索した。その結果、14地点から合計29個の菌園を掘り出すことに成功した。 菌糸の DNA 解析の結果、6地点がイケハラオオシロアリタケ <i>Termitomyces</i> sp. Type A、8地点がシロアリシメジ <i>Termitomyces intermedius</i> による菌園であることが判明した。昨年度は予定していたサンプル数および発生段階のサンプルを十分に入手できなかったが、本年度は RNA-seq 解析に用いるのに十分な数と発生段階を網羅したサンプルを確保することができた。 RNA抽出と今後の予定 採取した菌園サンプルは -80 ℃で凍結保存し、その後、基礎生物学研究所分析室においてマルチビーズショッカーを用いて粉砕し、トータルRNAの抽出を行った。RNA の品質評価を行ったところ、収量は十分とはいえなかったが、サンプルの入手性が極めて低いことを踏まえ、次年度はこれらの RNA を用いて RNA-seq 用ライブラリを作製し、シーケンス解析を行う予定である。

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-03-31
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 石崎 公庸 所属機関 (Institute) 神戸大学 電話 (Phone no.)	部局 (Department) 大学院理学研究科 FAX (FAX no.)	職 (Job Title) 教授 E-Mail
1. 種別 / Category	個別共同利用研究 / Individual collaborative research projects		
2. 課題番号 / Project number	25NIBB323		
3. 研究課題名 / Research Project Title	ゼニゴケにおけるクローン繁殖の制御機構		
4. 所内対応者 / Host Researcher	上田 貴志		
5. 共同利用研究者(敬称略)	・ 愛媛大学大学院理工学研究科 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 ・ 神戸大学大学院理学研究科 大学院生 芳村那美		
6. 研究成果の概要及び今後の展望 / Outline of research results and future prospects	ゼニゴケ無性芽の発生開始や胞子の非対称分裂を制御する低分子量Gタンパク質ROPの機能や相互作用因子探索について、上田貴志教授の協力を得て研究を進めている。miniTurboIDを利用した近接標識法の結果について、酒井友希博士（神戸大学特命講師）が訪問し、データの解釈や今後の進め方について打ち合わせを行なった。引き続き、研究計画や進捗について、緊密な情報共有を行っていきたい。 ゼニゴケのクローン繁殖子形成や葉状体の成長・再生における幹細胞制御に、MYB型転写因子であるGC1L/GCAM1が重要な機能をもつことが明らかになってきた。来年度から、GC1L/GCAM1の時空間的な発現動態を詳細に解析していく予定である。		

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-04-22
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 木 寄 暁子 所属機関 (Institute) 静岡大学 電話 (Phone no.)	部局 (Department) 理学部 FAX (FAX no.)	職 (Job Title) 教授 E-Mail
--	---	---	-------------------------------

1. 種別 / Category	個別共同利用研究 / Individual collaborative research projects
2. 課題番号 / Project number	25NIBB324
3. 研究課題名 / Research Project Title	ヒメツリガネにおけるINDETERMINATE DOMAIN 転写因子ファミリーの機能解析
4. 所内対応者 / Host Researcher	長谷部 光泰
5. 共同利用研究者(敬称略)	石川雅樹 基礎生物学研究所 生物進化研究部門 助教 山田蓮 静岡大学 大学院総合科学技術研究科 理学専攻 修士2年
6. 研究成果の概要及び今後の展望 / Outline of research results and future prospects	INDETERMINATE DOMAIN (IDD) 転写因子ファミリーは陸上植物に保存された転写因子ファミリーであり、種子植物においては植物ホルモンであるジベレリン（GA）やオーキシンの合成酵素やシグナル因子遺伝子の発現制御、根のパターン形成などに関わることが明らかになっているが、種子植物以外の陸上植物における機能は明らかになっていない。本研究は、陸上植物で最初に分岐したコケ植物のIDD転写因子の働きを解明することで、IDD転写因子が陸上植物の進化に果たした役割を明らかにしようとするものである。IDDファミリーは、系統解析からタイプIとタイプIIに分けることができるが、本研究で用いるヒメツリガネゴケにはタイプIに属する2つのIDD遺伝子（PpIDD5、6）、およびタイプIIに属する4つのIDD遺伝子（PpIDD1-4）が存在する。2024年度にPpIDD1を除くPpIDDの単一遺伝子破壊株を作製し、そのうちPpIDD5破壊株（PpIDD5-KO株）について、茎葉体の葉が内側にカールするという特徴的な形態変化が観察された。 2025年度は、主としてPpIDD5-KO株の葉が内側にカールする現象の分子メカニズムの解明を目指した。コケの葉は種子植物の葉とは起源が異なる器官であるが、光合成の効率をあげるために平面に展開するという共通の性質を示す。本研究では、葉の平面展開を制御する分子機構について、進化の過程における変遷および保存性を明らかにすることを目的とした。 PpIDD5-KO 葉では細胞のアスペクト比が低下し、葉幅が狭くなることが判明した。さらに、PpIDD5-Citrine ノックイン株を共焦点レーザー顕微鏡で観察した結果、PpIDD5 が若い葉の中肋予定域の向軸側に局在し、葉の展開とともに葉全体に発現が広がることが明らかとなった。興味深いことに、PpIDD5の局在部位そのものでは顕著な形態変化は見られなかったが、葉先端の細胞において有意な肥大が観察された。このことから、PpIDD5-KO株では細胞分裂から肥大成長への移行が早期化している可能性が示唆さるすなわち、PpIDD5は非細胞自律的に葉先端の細胞成長を抑制する機能を持つ可能性が考えられる。このような成長の空間的不均一は葉内に機械的な歪みを生じさせ、その結果として葉の内側へのカールが生じると考えられる。 コケの葉では、葉先端側におけるオーキシンの分布とその基部方向への勾配が成長制御に重要であることが知られている。以上の結果から、PpIDD5はオーキシン分布の制御を介して細胞分裂と成長のバランスを調節している可能性が示唆された。今後はPpIDD5-KO と野生株に R2D2 レポーター（DII-VENUS / mDII によりオーキシン量を可視化）を導入し、若い葉におけるオーキシン分布を比較して、PpIDD5 がオーキシン制御を介して葉の展開に関与する可能性を検証する。

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-04-30
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 上田 潤 所属機関 (Institute) 旭川医科大学 電話 (Phone no.)	部局 (Department) 先端医科学講座 FAX (FAX no.)	職 (Job Title) 准教授 E-Mail
--	---	---	--------------------------------

1. 種別 / Category	個別共同利用研究 / Individual collaborative research projects
2. 課題番号 / Project number	25NIBB325
3. 研究課題名 / Research Project Title	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
4. 所内対応者 / Host Reseacher	中山 潤一
5. 共同利用研究者(敬称略)	該当なし
6. 研究成果の概要及び今後の展望 / Outline of research results and future prospects	本研究では、中山潤一博士との共同研究により、精巢特異的ヒストンバリエントH3tにエビトープタグを付加したノックインマウスの開発を完遂した。2025年度は、研究拠点の移転に伴う研究環境の再整備と並行し、当該マウスを用いた組織サンプリング、および最新の知見に基づく文献情報の網羅的な整理に注力した。 今後は、H3tと共にヌクレオソームを形成するヒストンバリエントおよびクロマチン関連分子群を質量分析（IP-MS等）によって同定し、これら候補分子の生体内における機能的意義を解明する。得られた成果については、速やかに国内外の学会および学術論文にて公表するための準備を進める。

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-05-01
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 前田 太郎 所属機関 (Institute) 慶應大学 電話 (Phone no.)	部局 (Department) 先端生命科学研究所 FAX (FAX no.)	職 (Job Title) 特任助教 E-Mail
--	--	---	---------------------------------

1. 種別 / Category	個別共同利用研究 / Individual collaborative research projects
2. 課題番号 / Project number	25NIBB326
3. 研究課題名 / Research Project Title	盗葉緑体現象を示すチドリミドリガイと、その餌藻類ヒメイチョウの高精度ゲノム解読
4. 所内対応者 / Host Reseacher	重信 秀治
5. 共同利用研究者(敬称略)	該当なし
6. 研究成果の概要及び今後の展望 / Outline of research results and future prospects	本研究では、盗葉緑体現象を示す囊舌目ウミウシ Plakobranchus ocellatus（チドリミドリガイ）と、その主要餌藻類であるヒメイチョウについて、PacBio HiFiロングリードとHi-Cスキャフォールディングを統合した染色体レベルの高精度ゲノムを構築する。これまでにゲノム配列解読を完了させ、BRAKER4による遺伝子予測、Earl Greyによるトランスポーザブルエレメント注釈、RNA-seqに基づく転写産物アノテーションを完了した。今後は、宿主-餌の対応ゲノム基盤として国際公開し論文作成を行う。これにより、水平遺伝子移動を介さない長期葉緑体維持機構（Kleptoplast Retention Mechanism, KRM）の候補因子を、宿主側（認識・輸送・保護タンパク質）と餌側（葉緑体プロテオーム・遺伝子発現プロファイル）の双方から絞り込むことを可能とする。

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-04-17
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 南野 尚紀 所属機関 (Institute) 福岡大学 電話 (Phone no.)	部局 (Department) 理学部 FAX (FAX no.)	職 (Job Title) 助教 E-Mail
--	--	---	-------------------------------

1. 種別 / Category	個別共同利用研究 / Individual collaborative research projects
2. 課題番号 / Project number	25NIBB327
3. 研究課題名 / Research Project Title	ゼニゴケ精子の形成と運動制御システムの研究
4. 所内対応者 / Host Researcher	上田 貴志
5. 共同利用研究者(敬称略)	該当なし
6. 研究成果の概要及び今後の展望 / Outline of research results and future prospects	提案代表者は、ゼニゴケの精子形成過程および運動制御の分子メカニズムの解明を目指して研究を進めている。細胞骨格系の機能が精子形成に果たす役割を検証するため、アクチン重合を阻害する変異型アクチンを過剰発現するラインを作製したところ、精子の遊泳異常が観察された。この結果はアクチン動態が精子形成および運動機能に重要であることを示唆する。今後、これらのラインにおけるアクチン分布の乱れとオルガネラ動態への影響を詳細に解析する。 また、細胞膜局在型カルシウムポンプのゼニゴケホモログのひとつであるMp4g22320が後鞭毛上で不均一な局在パターンを示すことを見出し、これをMpPOFCAP (Posterior Flagellum localized calcium pump)と命名した。今後は、カルシウムイメージングを用いて精子遊泳時のカルシウムイオン動態を可視化・定量化を行うとともに、Mppofcap変異体におけるカルシウムイオン分布の異常を解析することで、MpPOFCAPの鞭毛運動制御における機能を明らかにする。あわせて、MpPOFCAPの後鞭毛局在を決定するメカニズムについても解析を行う。

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-04-23
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 若林 智美 所属機関 (Institute) 奈良先端科学技術大学院大学 電話 (Phone no.)	部局 (Department) バイオサイエンス領域 FAX (FAX no.)	職 (Job Title) 助教 E-Mail
--	---	--	-------------------------------

1. 種別 / Category	個別共同利用研究 / Individual collaborative research projects
2. 課題番号 / Project number	25NIBB328
3. 研究課題名 / Research Project Title	ミヤコグサにおけるゲノム編集技術を用いた対象遺伝子の表現型への影響の検証
4. 所内対応者 / Host Researcher	川口 正代司
5. 共同利用研究者(敬称略)	田中 幸子：基礎生物学研究所 技術職員 / Sachiko TANAKA : National Institute for Basic Biology, Division of Symbiotic Systems, Chief technician 高橋 直子：奈良先端科学技術大学院大学 バイオサイエンス領域 技術補佐員 / Naoko TAKAHASHI : Nara Institute of Science and Technology, Division of biological science, Technician
6. 研究成果の概要及び今後の展望 / Outline of research results and future prospects	日本列島は南北に長い地形や、山脈を多く有すること、さらに海に囲まれていることや季節風の影響などにより、多様な環境を有する地域である。マメ科のミヤコグサはこの多様な環境を持つ日本国内に広く分布する草本植物で、様々な形質に表現型の種内多型を有する。開花時期や地上部バイオマス、地上部バイオマスを規定する枝数などの形質は植物の繁殖成功に関わり、これらの形質に見られる表現型種内多型は、各環境への適応進化により獲得されたものと考えられる。申請者らはこれまでに、本種のこれらの表現型多型に関連したゲノム領域や候補遺伝子を全ゲノム関連解析により検出してきた。本研究では、これらの候補遺伝子のうち特に有力なものを選抜し、ゲノム編集実験により機能欠損系統の作出を目指した。昨年度に引き続き、根元からの枝数に関連した候補遺伝子を対象とし、アグロバクテリウム法により形質転換を試みた。感染した植物組織の選抜とカルス化を進め、根組織および地上部組織の誘導を行なった。3つのターゲット配列を対象に塩基の欠損を誘導した。それぞれのターゲット配列につき10-20のカルスを取得し、カルスあたり5個体の植物体を誘導し、種子を取得した。現在、対象遺伝子への変異の有無をサンガー法のシーケンス等により確認を進めている。今後、T2, 3世代の種子を取得した後は、栽培実験により野生型との表現型比較を行う。さらに、野生方との表現型に違いが認められる場合には、野生集団に維持される2つの遺伝子型を導入し、これらのアリルの効果を比較することを想定している。また、この共同利用研究により習得した技術をもとに、申請者の所属機関においても同様のゲノム編集実験を行う環境を構築した。今後、その他の候補遺伝子についても同様にゲノム編集技術を活用した実験を展開する予定である。

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-04-14
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 西川 周一 所属機関 (Institute) 新潟大学 電話 (Phone no.)	部局 (Department) 理学部 FAX (FAX no.)	職 (Job Title) 教授 E-Mail
--	--	---	-------------------------------

1. 種別 / Category	個別共同利用研究 / Individual collaborative research projects
2. 課題番号 / Project number	25NIBB329
3. 研究課題名 / Research Project Title	陸上植物有性生殖過程の核膜融合機構の解析
4. 所内対応者 / Host Researcher	亀井 保博
5. 共同利用研究者(敬称略)	該当なし
6. 研究成果の概要及び今後の 展望 / Outline of research results and future prospects	細胞核の融合は、有性生殖における必須の過程のひとつである。われわれは、出芽酵母とシロイヌナズナを用いた解析で、この過程はGEX1およびSUNタンパク質という進化的に保存された2種類の核膜タンパク質を必要とすることを明らかにした。本研究は、ゼニゴケ有性生殖過程におけるこれら核膜タンパク質のゼニゴケホモログの機能解明を目的とする。これまでにわれわれは、ゼニゴケのGEX1ホモログであるMpGEX1が、核融合ではなく有性前核形成過程特異的に機能していることを示す結果を得た。本年度は、ゼニゴケ有性生殖過程におけるSUNタンパク質（MpSUN）の機能の検討を行った。われわれは、MpSUNに関する優性欠損変異体（MpSUNDN）を卵細胞特異的に発現する雌株は、受精に欠損を示すことを見いだした。共焦点顕微鏡を用いた受精卵の解析の結果、この株では異常な形態の雄性前核が形成されることが示された。この結果はMpSUNもまた雄性前核形成過程で機能していることを示唆している。今後は、二光子顕微鏡を用いた解析などにより、雄性前核形成過程でのMpGEX1の局在変化を明らかにする計画である。また、MpGEX1の局在変化におけるMpSUNの役割の検討も進める予定である。

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-04-03
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 佐野 浩子 所属機関 (Institute) 久留米大学 電話 (Phone no.)	部局 (Department) 分子生命科学研究所 FAX (FAX no.)	職 (Job Title) 准教授 E-Mail
--	---	---	--------------------------------

1. 種別 / Category	個別共同利用研究 / Individual collaborative research projects
2. 課題番号 / Project number	25NIBB330
3. 研究課題名 / Research Project Title	ライブイメージングとデータ駆動型数理モデルを用いたグルコース応答の情報処理機構の解明
4. 所内対応者 / Host Researcher	吉田 松生
5. 共同利用研究者(敬称略)	佐藤 俊之：基礎生物学研究所・生殖細胞研究部門 研究員
6. 研究成果の概要及び今後の展望 / Outline of research results and future prospects	グルコースなどの〇餌を基点とする代謝は、入力が不安定であるにもかかわらず安定状態を保ち、生命機能を維持する。この背景には、細胞内グルコース濃度の変化を入力、グルコース代謝経路を処理系、代謝遺伝子群を制御する転写因子の活性化を出力とする情報処理機構が存在する。本研究は、この情報処理機構の解明を目的として実施した。これまでの共同利用研究により、ショウジョウバエ脂肪体細胞において、細胞内グルコース濃度変化（入力）およびMondo転写因子の核移行（出力）を蛍光レポーターで可視化し、任意のグルコース刺激に応じた入出力を計測するライブイメージング実験系を確立した。この実験系を用いて取得した入出力の時系列データから、機械学習により応答関数を導出した。導出した応答関数は新規入力に対する出力を予測可能であり、データ取得および数理解析の妥当性が示された。今後は、各グルコース代謝経路を阻害した条件で同様の解析を行い、グルコース応答の情報処理構造のモデル化と処理機構の解読を進め、その分子実体の解明につなげる。

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-04-22
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 中鉢 淳 所属機関 (Institute) 豊橋技術科学大学 電話 (Phone no.)	部局 (Department) 先端農業・バイオリサーチセン ター FAX (FAX no.)	職 (Job Title) 准教授 E-Mail
--	---	--	------------------------------------

1. 種別 / Category	個別共同利用研究 / Individual collaborative research projects
2. 課題番号 / Project number	25NIBB331
3. 研究課題名 / Research Project Title	アブラムシゲノムにコードされた細菌由来水平転移遺伝子の機能解析
4. 所内対応者 / Host Researcher	重信 秀治
5. 共同利用研究者(敬称略)	・ 中鉢 淳：豊橋技術科学大学 先端農業・バイオリサーチセンター 准教授 / Atsushi NAKABACHI: Toyohashi University of Technology, Research Center for Agrotechnology and Biotechnology, associate professor ・ 安田 侑加：豊橋技術科学大学 大学院生 / Yuka Yasuda: Toyohashi University of Technology, department of applied chemistry and life science, graduate student ・ 長尾 祐希：豊橋技術科学大学 学部学生 / Yuki Nagao: Toyohashi University of Technology, department of applied chemistry and life science, undergraduate student
6. 研究成果の概要及び今後の 展望 / Outline of research results and future prospects	本研究は、アブラムシ（半翅目：アブラムシ上科）が細菌から水平転移により獲得した遺伝子群を、CRISPR/Cas9システムを用いてノックアウトし、その機能を解明することを目的とする。今年度は、エンドウヒゲナガアブラムシ <i>Acyrtosiphon pisum</i> （アブラムシ科）において、菌細胞で特異的に発現し、産物タンパク質がオルガネラ様共生細菌 <i>Buchnera aphidicola</i> （Gammaproteobacteria）へ輸送される <i>RplA4</i> 遺伝子の解析に着手した。第1エクソン内を標的として2種類のcrRNAを設計・合成し、gRNA/Cas9複合体を調製した。それぞれ81個および58個の卵に対してマイクロインジェクションを行い、このうち各3個の卵をアンブリコンシーケンスに供して変異導入効率を評価した。その結果、一方のgRNAでは3試料中2例で変異が検出されたが、各試料における変異配列の相対存在比はいずれも1%未満であった。残りの胚は発生を継続させ、得られたG0幹母から産仔性単為生殖によりG1世代を取得した。さらに、これらのクローン由来のG2世代を用いてサンガーシーケンスによるジェノタイピングを実施したが、現時点では変異導入系統は得られていない。 今後は、新規crRNAの設計・合成を行うとともに、マイクロインジェクション条件および卵の採取方法の最適化を進め、変異導入効率の向上と変異系統の確立を目指す。

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-04-30
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 中川 香澄 所属機関 (Institute) 岐阜大学 電話 (Phone no.)	部局 (Department) 応用生物科学部 FAX (FAX no.)	職 (Job Title) 助教 E-Mail
--	--	---	-------------------------------

1. 種別 / Category	個別共同利用研究 / Individual collaborative research projects
2. 課題番号 / Project number	25NIBB332
3. 研究課題名 / Research Project Title	発酵建て藍染液に関わる微生物の共生メカニズムの解明
4. 所内対応者 / Host Reseacher	亀井 保博
5. 共同利用研究者(敬称略)	黒川 真起子：岐阜大学大学院自然科学技術研究科 大学院生 井村 樹：岐阜大学大学院自然科学技術研究科 大学院生
6. 研究成果の概要及び今後の展望 / Outline of research results and future prospects	伸長したインジゴ還元菌を得るため、セフォキチン処理により菌体を伸長させた。 その菌体を顕微鏡観察し、伸長したことを確認した。 伸長したインジゴ還元菌のインジゴ還元力を評価したが、当初の仮説とは反対に、長い鎖長ではインジゴ還元力が低かった。 今後、長い鎖長のインジゴ還元菌のみをマイクロ流体デバイスを用いて回収し、菌体の形態と還元力の関係性を明らかにする予定である。

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-04-30
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 池田 陽子 所属機関 (Institute) 岡山大学 電話 (Phone no.)	部局 (Department) 資源植物科学研究所 FAX (FAX no.)	職 (Job Title) 准教授 E-Mail
1. 種別 / Category	個別共同利用研究 / Individual collaborative research projects		
2. 課題番号 / Project number	25NIBB333		
3. 研究課題名 / Research Project Title	CRISPR/dCas9を用いたエビゲノム編集による育種法の開発		
4. 所内対応者 / Host Researcher	星野 敦		
5. 共同利用研究者(敬称略)	西村 泰介：長岡技術科学大学 工学研究院 准教授 長岐 清孝：岡山大学 資源植物科学研究所 准教授 賀屋 秀隆：愛媛大学 大学院農学研究科 准教授 根岸広海：長岡技術科学大学大学院 工学研究科 大学院生 星野奈月：長岡技術科学大学大学院 工学研究科 大学院生 Kainat Zahra：長岡技術科学大学大学院 工学研究科 大学院生 豊福千尋：長岡技術科学大学大学院 工学研究科 大学院生 平田 峻也：愛媛大学 大学院農学研究科 大学院生 高市呼春：愛媛大学 大学院農学研究科 大学院生 檜迫拓海：愛媛大学 大学院農学研究科 大学院生 Alifina Prinsha：岡山大学 資源植物科学研究所 大学院生		
6. 研究成果の概要及び今後の展望 / Outline of research results and future prospects	エビゲノム編集による新しい植物育種法を開発するため、植物におけるDNAメチル化修飾改変用ベクターの開発を行ってきた。昨年までに、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けるDNAメチル化の部位特異的誘導あるいは除去が可能となった。本年度は、DNAメチル化の部位特異的な誘導及び除去の系が有効なDNA領域の範囲について、バイサルファイト解析により、1塩基レベルで解析し、それが次世代でも維持されるかについても解析した。さらに、部位特異的DNAメチル化誘導あるいは除去を行なった植物の全ゲノムDNAメチル化解析を行い、部位特異性について確認を行った。これらの内容についてPlant Cell Physiol誌に論文を発表した（Hirata et al., 2025）。さらに、本システムによるDNAメチル化編集が、他の遺伝子領域にも有効であるか、別のターゲット領域を用いて解析を進めている。また、アサガオや他の作物においても、nCas9(SpCas9-D10A)とDNAメチル化酵素の融合タンパク質を発現する植物を作成し、DNAメチル化の部位特異的な誘導を試みており、これらの発現カセットを導入した形質転換体の取得を進めている。今後は、よりDNAメチル化編集の効率を高める系の開発を引き続き検討すると共に、他の植物での有効性の検討を進めたい。		

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-04-30
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 前川 裕美 所属機関 (Institute) 九州大学 電話 (Phone no.)	部局 (Department) 農学研究院 FAX (FAX no.)	職 (Job Title) 准教授 E-Mail
--	--	---	--------------------------------

1. 種別 / Category	個別共同利用研究 / Individual collaborative research projects
2. 課題番号 / Project number	25NIBB334
3. 研究課題名 / Research Project Title	Ogataea酵母におけるエピジェネティックな接合型遺伝子発現制御の解明
4. 所内対応者 / Host Researcher	中山 潤一
5. 共同利用研究者(敬称略)	該当なし
6. 研究成果の概要及び今後の展望 / Outline of research results and future prospects	出芽酵母の自家生殖性を構成する多様な分子メカニズムのうち、接合型変換とは異なる相同組換え非依存的な一次ホモタリズムの分子基盤は未解明である。本研究は、出芽酵母 <i>Ogataea naganishii</i> における一次ホモタリズムの分子機構の解明を目的とする。 これまでに我々は、セントロメア特異的ヒストンCnp1領域内に位置する2つのMAT座が、ヒストン脱アセチル化酵素Rpd3L複合体が関与する制御機構により、飢餓条件において転写活性化されることを示してきた。単一細胞レベルでは一方のMATのみが排他的に活性化される（選択的活性化）と予想されていたが、その実験的検証は困難であった。 今年度の研究では、細胞集団からa型細胞とα型細胞を分離・評価する手法の確立に成功した。具体的には、接合フェロモン受容体遺伝子（STE2, STE3）に蛍光タンパク質（GFPおよびmCherry）遺伝子を融合し、セルソーターにより各蛍光を単独で発現する細胞分画を分離・集菌した。分取した細胞のqRT-PCR解析の結果、GFP陽性細胞群とmCherry陽性細胞群において、それぞれMATαおよびMATaが優先的に検出された。このことから、選択的MAT活性化が接合型表現型を直接的に規定することが強く示唆された。 今後は、分離したa型細胞およびα型細胞のエピゲノム解析を進め、選択的なMAT活性化を可能にするクロマチン制御機構の解明を目指す。

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-04-28
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 川崎 信治 所属機関 (Institute) 東京農業大学 電話 (Phone no.)	部局 (Department) 生命科学部分子微生物学科 FAX (FAX no.)	職 (Job Title) 教授 E-Mail
1. 種別 / Category	個別共同利用研究 / Individual collaborative research projects		
2. 課題番号 / Project number	25NIBB335		
3. 研究課題名 / Research Project Title	過酷な生育環境を生き抜く微細藻類が持つユニークな光酸化ストレス防御機構の解明		
4. 所内対応者 / Host Researcher	皆川 純		
5. 共同利用研究者(敬称略)	川崎信治：東京農業大学生命科学部教授/Shinji Kawasaki: Tokyo University of Agriculture, Professor 豊島拓樹：東京農業大学生命科学部助教/Hiroki Toyoshima: Tokyo University of Agriculture, Assistant Professor		
6. 研究成果の概要及び今後の展望 / Outline of research results and future prospects	一般植物は、強光照射下で、かつ乾燥や塩ストレスなどが混在する過酷な環境下では、光酸化ストレスを発生し枯死に至る。我々は上記の環境を生き抜く光合成微生物を探索し、単離株が持つユニークなストレス防御機構の研究を行ってきた。その結果、単離株は高い光酸化ストレス耐性を示し、報告例の無いユニークな細胞応答を保持してた。本申請では、ユニークな生理応答を保持する単離株の分子機構を多角的な専門分野からアプローチし、未知の光酸化ストレス防御機構の解明を目指す。申請者らが過酷な生育環境から単離した微細藻類は、一般のモデル藻類が枯死するストレス（強光照射が伴う環境ストレス）を付与すると、一時的に光合成反応を停止するが、その後に速やかに回復する能力を持つことが判明した。光合成解析の結果、本回復には未解明の分子機構の関与が示唆されたが、その詳細は不明である。そこで本研究では、PAM光合成解析と葉緑体チラコイド膜周辺の分子機構解析を実施することで新たな知見の獲得を目指すこととした。貴研究所にご所属する皆川純先生と同研究室にご所属される小杉真貴子先生、金恩哲先生にご指導を仰ぎ、チラコイド膜の単離法と、膜タンパク質のCN-PAGEによる組成解析の技術をご指導いただいた。その結果、強光耐性細胞に特有のNPQが検出される藻株から、高分子のタンパク質複合体が検出された。現在は再現性を得ると同時に、その発現挙動について解析を行っている。		

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-04-24
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 金井 雅武 所属機関 (Institute) 東京農業大学 電話 (Phone no.)	部局 (Department) 生命科学部 FAX (FAX no.)	職 (Job Title) 准教授 E-Mail
1. 種別 / Category	個別共同利用研究 / Individual collaborative research projects		
2. 課題番号 / Project number	25NIBB336		
3. 研究課題名 / Research Project Title	種子サイズを制御する新規遺伝子の機能解析		
4. 所内対応者 / Host Researcher	真野 昌二		
5. 共同利用研究者(敬称略)	金井 雅武：東京農業大学生命科学科 准教授 池田 快：東京農業大学大学院 生命科学研究科 大学院生 堀川 乃唯：東京農業大学大学院 生命科学研究科 大学院生 松本 光樹：東京農業大学大学院 生命科学研究科 大学院生		
6. 研究成果の概要及び今後の 展望 / Outline of research results and future prospects	申請者らが同定した種子サイズを制御する遺伝子について細胞内局在解析用のプラスミド構築を進めた。N末端およびC末端に蛍光タンパク質遺伝子を融合されたプラスミドDNAを調整し、オルガネラ制御研究室のパーティクルデリバリーシステムを用いて植物細胞内における局在を検証したところ、遺伝子1がコードするタンパク質の局在は小胞体、遺伝子2がコードするタンパク質の局在はミトコンドリア膜局在であることを確認した。さらに酵母を用いた相補試験のためのプラスミド構築を進めている。今後は酵母を用いた相補試験を実施し、新規な2遺伝子の機能解析を進めたい。		

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-04-30
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 富永 晃好 所属機関 (Institute) 静岡大学 電話 (Phone no.)	部局 (Department) 農学部 FAX (FAX no.)	職 (Job Title) 助教 E-Mail
1. 種別 / Category	個別共同利用研究 / Individual collaborative research projects		
2. 課題番号 / Project number	25NIBB337		
3. 研究課題名 / Research Project Title	イオンビーム照射による植物におけるオーバーキリング現象の解明		
4. 所内対応者 / Host Researcher	川口 正代司		
5. 共同利用研究者(敬称略)	富永 晃好：静岡大学農学部 助教		
6. 研究成果の概要及び今後の展望 / Outline of research results and future prospects	■ 研究成果の概要 本研究では、ストック（<i>Matthiola incana</i>）を材料として、イオンビーム照射による突然変異誘発における「オーバーキリング現象」の解明を目的とし、異なる線エネルギー付与（LET）条件下での生物学的応答を体系的に解析した。 その結果、生存率および展葉数はLETの増加に伴い低下するが、約300 keV・μm^{-1}付近で最小となり、それ以上の高LET条件では再び増加する傾向が確認された。このことから、ストックにおいても特定のLETで生物学的影響が最大となり、それ以上で効果が低下する「オーバーキリング現象」が存在することが明らかとなった。また、変異率は高LET条件（400–500 keV・μm^{-1}）において顕著に増加し、最大で40%以上の高頻度な変異誘発が確認された。一方で、これらの条件では核内DNA量の減少を伴う大規模変異が多く、生殖能力の低下や後代獲得の困難性が示唆された。 さらに、フローサイトメトリー解析により、LETの増加に伴って核内DNA量が減少する傾向が確認され、最大で約16%のゲノム欠失が生じていることが明らかとなった。この結果は、高LET条件において染色体レベルの大規模変異が誘発されることを示している。 以上より、本研究は、植物におけるオーバーキリング現象の存在を初めて明確に示すとともに、LET制御によって変異の質（規模・タイプ）を制御可能であることを示した点で、突然変異育種における重要な基盤的知見を提供した。 ■ 今後の展望 本研究で得られた成果は、イオンビーム照射におけるLET制御が、単なる変異率の向上にとどまらず、「変異の質」を制御する新たな育種戦略となり得ることを示している。今後は、オーバーキリング現象の分子機構を解明することで、DNA損傷および修復過程と表現型変異との関係を明らかにし、より精密な変異誘発技術の確立を目指す。 また、高LET条件で得られる大規模ゲノム変異は、従来の育種では得られなかった新規形質の創出に有効である一方で、生殖能力の低下という課題を伴う。そのため、組織培養技術や栄養繁殖技術と組み合わせることで、有用変異体の維持および利用を可能とする技術開発が重要となる。 さらに、本研究で確立した「LET依存の変異制御」の概念は、ストックに限らず他の園芸作物や作物種にも適用可能であり、作物ごとの最適照射条件の体系化により、汎用的な突然変異育種基盤の構築につながる事が期待される。 将来的には、本知見を植物の環境応答制御や生育制御技術と統合することで、気候変動下における持続的農業生産に貢献する革新的技術への展開が期待される。		

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-04-10
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 餅井 真 所属機関 (Institute) 兵庫県立大学 電話 (Phone no.)	部局 (Department) 大学院理学研究科 FAX (FAX no.)	職 (Job Title) 准教授 E-Mail
1. 種別 / Category	個別共同利用研究 / Individual collaborative research projects		
2. 課題番号 / Project number	25NIBB338		
3. 研究課題名 / Research Project Title	ゲノム編集を用いた、アフリカツメガエルの発生・再生におけるsonic hedgehog homeologsの発現と機能の解析		
4. 所内対応者 / Host Researcher	鈴木 賢一		
5. 共同利用研究者(敬称略)	香川 賢：兵庫県立大学 理学研究科 大学院学生/ Norie Kagawa: University of Hyogo, graduate school of science, graduate student		
6. 研究成果の概要及び今後の展望 / Outline of research results and future prospects	研究概要 異質四倍体であるアフリカツメガエル(Xenopus.laevis)の二つのsonic hedgehog (shh)遺伝子(shh.L、shh.S)の発生・再生における発現制御と機能を明らかにすることを目的としている。 1)それぞれの遺伝子の5'UTR内にegfpを導入したノックイン初代個体を得ていたが、二代目(F1)個体を得る目的で、それぞれ性成熟させ、野生型と掛け合わせた。その結果、Shh.Sについては複数の系統で、shh.Lについては1系統で脳・脊髄や脊索など予想された組織で特異的にEGFPレポーターを発現する個体が得られた。 2)F1の胚および幼生におけるレポーター発現を比較したところ、肢芽以外の組織では、shh.Lとshh.Sとで同様な発現パターン示したが、肢芽での発現はshh.Lノックイン系統のみで観察された。 3)幼生の尾部と肢芽における内在shh発現を定量RT-PCRで比較したところ、肢芽では、shh.Lのみの発現が検出された。 4)shh.Lあるいはshh.Sの機能阻害を目的としてCas9-sgRNAを注入した個体を作成したところ、shh.Lを標的とした場合で四肢の発生に異常が観察された。 今後の展望 1)内在のshhの発現を再現するEGFPレポーター系統が確立でき、さまざまな組織でのshh発現細胞の動態を解析することが可能となった。特にshhの重要性が示唆されている中枢神経系や肢芽の発生、尾部や肢芽の再生、変態における消化器官の再編成等での詳細な解析が期待できる。 2)ノックイン個体を用いてEGFP陽性細胞をソーティングすることによって、実際に肢芽の発生等に重要な細胞を同定し、遺伝子発現解析することが可能と考えられる。 3)EGFPレポーターの予想発現制御領域（肢芽特異的エンハンサー等）に対する変異導入により遺伝子発現制御機構を個体レベルで詳細に解析できることが期待される。 4)egfpが5'UTRに挿入された内在遺伝子は発現しないと予想される。それら個体の子孫を用いることにより、ホモ変異体の作製が可能となり、shhの機能を遺伝学的に解析できると期待される。		

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-04-10
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 菅 裕 所属機関 (Institute) 県立広島大学 電話 (Phone no.)	部局 (Department) 生物資源科学部 FAX (FAX no.)	職 (Job Title) 教授 E-Mail
--	--	---	-------------------------------

1. 種別 / Category	個別共同利用研究 / Individual collaborative research projects
2. 課題番号 / Project number	25NIBB339
3. 研究課題名 / Research Project Title	単細胞ホロゾアを用いた動物多細胞化メカニズム解明の加速
4. 所内対応者 / Host Researcher	重信 秀治
5. 共同利用研究者(敬称略)	県立広島大学 博士課程 傳保聖太郎 県立広島大学 博士課程 日野礼仁 県立広島大学 学部学生 小寺理芳 県立広島大学 学部学生 笹岡和夏 県立広島大学 学部学生 中野もも
6. 研究成果の概要及び今後の 展望 / Outline of research results and future prospects	動物に近縁な単細胞生物の一つであるカプサスポラのノックアウト株樹立のため、多数の細胞のなかからポジティブ細胞だけを単離する作業に、FACSを利用した。 動物の多細胞化に関連したと考えられる遺伝子について、ヘテロノックアウト細胞を単離し、その表現型の解析を進めることができた。 また、カプサスポラに有性生殖が存在するかどうか確認するため、2色にラベルした細胞を混合し、2色同時に持つ細胞が生じるかどうかの実験にFACSを利用した。 さらに、クレオリマックス細胞に関しても、恒常的に蛍光を発する細胞を単離するため、FACSを利用した。 今後も同様の実験を続けていく予定であり、引き続き個別共同利用を継続させていただきたい。

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-03-31
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 信澤 岳 所属機関 (Institute) 広島大学 電話 (Phone no.)	部局 (Department) 大学院統合生命科学研究科 FAX (FAX no.)	職 (Job Title) 助教 E-Mail
--	---	--	-------------------------------

1. 種別 / Category	個別共同利用研究 / Individual collaborative research projects
2. 課題番号 / Project number	25NIBB340
3. 研究課題名 / Research Project Title	極長鎖脂肪酸を介した植物の器官成長調節機構の解明
4. 所内対応者 / Host Reseacher	森田 美代
5. 共同利用研究者(敬称略)	該当なし
6. 研究成果の概要及び今後の 展望 / Outline of research results and future prospects	共同研究により一定の成果を得られ、2026年3月に日本植物生理学会年会において発表を行った。今後も引き 続き、遺伝学的解析および脂質分析を中心として、極長鎖脂肪酸を介した植物の器官成長調節機構の解明を進 めていく。

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-04-26
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 林 八寿子 所属機関 (Institute) 新潟大学 電話 (Phone no.)	部局 (Department) 理学部 FAX (FAX no.)	職 (Job Title) 准教授 E-Mail
--	--	---	--------------------------------

1. 種別 / Category	個別共同利用研究 / Individual collaborative research projects
2. 課題番号 / Project number	25NIBB341
3. 研究課題名 / Research Project Title	植物における光に応答したオルガネラの相互関係
4. 所内対応者 / Host Researcher	真野 昌二
5. 共同利用研究者(敬称略)	・ 矢吹 悠太郎：新潟大学大学院自然科学研究科 大学院生 矢吹 悠太郎：新潟大学大学院自然科学研究科 大学院生 / Yutaro YABUKI: Niigata University, Graduate School of Science and Technology, graduate student ・ 及川 聡和：基礎生物学研究所 共生システム 助教/ Kazusato OIKAWA: The National Institute for Basic Biology, Division of Symbiotic Systems, assistant professor
6. 研究成果の概要及び今後の展望 / Outline of research results and future prospects	我々は、シロイヌナズナ子葉細胞内のリピッドボディ（LB）消失機構について調べている。昨年度、レーザー顕微鏡（SP8, Leica）の解析手法の指導を受けて、新潟大学において染色条件の検討を行って観察に成功し、LBが液胞内で分解されていることを明らかにした。そこで、本年度は、基礎生物学研究所に2回（2025年4月と2026年3月）滞在し、研究打ち合わせと実験を行なった。特に、液胞膜可視化株（v-Vam3株）のLBをナイルレッドで染色することで、液胞膜とLBとの相互関係の詳細な解析を行なった。シロイヌナズナ子葉の葉肉細胞は巨大なために細胞全ての立体構築には至っていないが、連続切片の撮影に成功した。その結果、LBが液胞膜と密着している画像や、液胞内部へと押し込まれている詳細な画像の撮影に成功した。また、高圧凍結、および凍結置換法で作成した試料の電子顕微鏡写真をレーザー顕微鏡写真と比較し、電子顕微鏡レベルでの液胞膜とLBの相互関係も明らかとなった。現在は、オートファジー関連因子（ATGs）変異体や、フォスファチジルイノシトール3-リン酸（PI3P）に結合するFYVEドメインとGFPの融合タンパク質発現株の解析を行なっている。今後は、生育条件によるLBとベルオキシソームとの相互関係の変化や、エンドソーム由来のMVB（Multivesicular body）形成に関与するESCRTs因子の欠損株についても解析したいと考えている。

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-03-31
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 柿嶋 聡 所属機関 (Institute) 昭和大学 電話 (Phone no.)	部局 (Department) 富士山麓自然・生物研究所 FAX (FAX no.)	職 (Job Title) 講師 E-Mail
--	---	--	-------------------------------

1. 種別 / Category	個別共同利用研究 / Individual collaborative research projects
2. 課題番号 / Project number	25NIBB342
3. 研究課題名 / Research Project Title	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
4. 所内対応者 / Host Researcher	長谷部 光泰
5. 共同利用研究者(敬称略)	該当なし
6. 研究成果の概要及び今後の展望 / Outline of research results and future prospects	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バナを材料に、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。コダチスズムシバナと近縁の毎年開花種オキナワスズムシバナのF2雑種個体を用いて連鎖解析を行い、昨年取得していたゲノムデータと合わせることで、染色体レベルの高精度なゲノムデータの構築に成功した。基生研の温室で取得したフェノタイピングデータを元にQTLマッピング解析を行ったところ、発芽から開花までの年数と関連する4つの遺伝子座が発見された。また、開花2年前から結実までの遺伝子発現変動を調べたところ、開花促進遺伝子のFT遺伝子のホモログの中には開花と連動して発現変動しているものが観察された。さらに、これまでの実験から、コダチスズムシソウの6年を測る生物時計メカニズムには、気温が関わっていることが示唆されたため、複数の栽培気温条件下における栽培実験を行ったところ、低温期間が開花のタイミングに影響を与えるという結果が得られた。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。

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-04-30
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 森田 裕将 所属機関 (Institute) 名城大学 電話 (Phone no.)	部局 (Department) 農学部 FAX (FAX no.)	職 (Job Title) 准教授 E-Mail
--	--	---	--------------------------------

1. 種別 / Category	個別共同利用研究 / Individual collaborative research projects
2. 課題番号 / Project number	25NIBB343
3. 研究課題名 / Research Project Title	植物色素アントシアニンの側鎖構造多様性機構の解明
4. 所内対応者 / Host Reseacher	星野 敦
5. 共同利用研究者(敬称略)	中山 亨：東北大学 大学院工学研究科・工学部 教授 和氣 駿之：東北大学 大学院工学研究科・工学部 助教 佐々木 伸大：大阪公立大学 農学研究科 教授
6. 研究成果の概要及び今後の展望 / Outline of research results and future prospects	I) HBA側鎖構造の形成に関与する候補遺伝子の検索 アントシアニンの転写制御因子遺伝子の機能欠損変異体（白花卉）と野生型の花弁についてトランスクリプトーム比較解析を実施した。その結果、変異体花弁において発現量が低下し、かつ全体として発現量が多い（LgoFC > 4、LogCPM > 7）遺伝子を27個見出した。この中から、側鎖構造の形成に関与すると予想されるアシル基転移酵素（AT）遺伝子として「INIL04g34946」、グルコース転移酵素（GT）遺伝子として「INIL12g40051」「INIL12g40053」「INIL14g03979」を同定した。さらに、所内対応者が構築したアサガオの経時的な遺伝子発現データベースを用いて確認したところ、これらの遺伝子はいずれもアントシアニン生合成酵素群の特徴と同様に開花前日に発現のピークを示したため、HBA修飾に関わる有力な候補遺伝子であると判断した。 II) 酵素活性等の検証に向けた準備 同定した有力な候補遺伝子について、今後予想される酵素活性の有無を検証していくためのベクター構築を完了した。 III) アサガオにおける欠損変異体の検索 所内対応者が構築したゲノムブラウザーに搭載されている142系統のリシーケンスデータを利用し、候補遺伝子に変異を持つ系統の探索を行った。その結果、AT遺伝子の候補であるINIL04g34946について、第2エキソンにトランスポゾンが挿入された2系統（Q465、Q507）および第9イントロンに挿入された5系統（AKX199、Q144、Q1258、Q1308、Q1386）のアレルが存在することを確認した。さらに、GT遺伝子の候補であるINIL14g03979についても、3系統（AK47、Q532、Q1096）に変異が存在することを見出した。

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-04-19
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 神谷 重樹 所属機関 (Institute) 大阪公立大学 電話 (Phone no.)	部局 (Department) 生活科学研究科 食栄養学分野 FAX (FAX no.)	職 (Job Title) 教授 E-Mail
1. 種別 / Category	個別共同利用研究 / Individual collaborative research projects		
2. 課題番号 / Project number	25NIBB344		
3. 研究課題名 / Research Project Title	歯周病のメダカ感染モデル作製についての検討		
4. 所内対応者 / Host Researcher	亀井 保博		
5. 共同利用研究者(敬称略)	神谷 重樹 大阪公立大学大学院 生活科学研究科 教授 坂本 永 生命創生探究センター バイオフォニクス研究グループ 特任研究員 吉浦 康寿 福井県立大学 海洋生物資源学部 教授 黒柳 美和 福井県立大学 海洋生物資源学部 研究員 高須賀 彩乃 大阪公立大学 生活科学部 学部生 B4 加守田 真由 大阪公立大学 生活科学部 学部生 B4 早川 愛衣 大阪公立大学 生活科学部 学部生 B4 鶴野 あかり 大阪公立大学大学院 生活科学研究科 大学院生 M1 吉富 真生 大阪公立大学大学院 生活科学研究科 大学院生 M1		
6. 研究成果の概要及び今後の 展望 / Outline of research results and future prospects	今年度は、報告者の所属する大学では、キャンパス移転があったため、4月から9月の間は移転業務で研究がほぼ実施できなかったため、これまでの成果の論文化と追加実験を主な目的とした。 基本的には、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（Pg）の死菌を混餌して、重症化をの効果を食品成分による病態抑制効果について検討した。 1）NASHモデルメダカについて 昨年度の結果より、3ヶ月齢の標準系統Cab及びメラノコルチン4型受容体の突然変異と同等の変異を持つmc4rl63Nメダカのいずれを用いても、高脂肪食投与にPg死菌を混餌すると病態が悪化することを報告している。とくにmc4rl63N変異を持つメダカでは12週のPg菌を混餌した高脂肪食の投与で病態が重症化し、10週までに複数の個体が死滅することを確認している。そこで、このモデルでは病態の進行が加速されているのではないかと考え、投与期間を1ヶ月にしてもモデルとして利用可能かどうかを検討した。もし、1ヶ月でNASH病態が確認できれば、食品成分の効果の判定のスループットが上がるというメリットが考えられる。結果は、残念ながら、キャンパス移転を挟み環境変化影響があったためか、死亡脱落があり、有意な結果は得られなかったが、4週でも病態が認められた。今後再度の検証が必要である。一方、標準Cab系統へのPg菌を混餌した高脂肪食の投与に対して、ポリフェノールの1つケルセチンを投与した場合も、上記と同様に死亡脱落が多く、有意な結果は得られなかったが、いくつかの個体ではケルセチン投与で病態改善が認められた。 またNASHの病態として、近年肝臓へのマクロファージが浸潤し、脂肪滴が溜まった細胞の周りに集積するCrown-like structure (CLS)が提唱されている。そこでメダカのマクロファージを検出できる抗体をメダカのmpeg1という補体の成分を抗原として免疫して、現在、特異的抗体をスクリーニング中であるが、十分なポジティブコントロールとなるものがなく、スクリーニングが困難であったが、マクロファージをイメージングできる新たなTgメダカを導入し、検討を重ねている。 2）骨粗しょう症モデルメダカについて これまで用いていたtph2遺伝子ノックアウトメダカを骨粗しょう症モデルとして利用可能か検討してきたが、一昨年度開発したベクター生物によるPg死菌投与による病態悪化及びスクリーニングは、実際の利用に困難があると考え、新たにグルココルチコイド誘発性の骨粗しょう症モデルの開発を検討した。実際には、ゼブラフィッシュ稚魚を用いた報告をメダカ稚魚に応用した、現在までのところ、負荷直後からのプレゾニドロン刺激により、アリザリンレッドS染色によるカルシウム沈着では、椎骨の棘突起の染色性の低下と全体的な骨格サイズの低下が認められたが、十分な再現性は取れなかった。現在、追試を行うとともに、比較としてゼブラフィッシュの導入も考えている。		

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-04-30
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 服部 充 所属機関 (Institute) 長崎大学 電話 (Phone no.)	部局 (Department) 水産・環境科学総合研究科 FAX (FAX no.)	職 (Job Title) 准教授 E-Mail
--	---	--	--------------------------------

1. 種別 / Category	個別共同利用研究 / Individual collaborative research projects
2. 課題番号 / Project number	25NIBB346
3. 研究課題名 / Research Project Title	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
4. 所内対応者 / Host Reseacher	重信 秀治
5. 共同利用研究者(敬称略)	・服部 充：長崎大学総合生産科学研究科 准教授 ・頼本 隼汰：筑波大学 生存ダイナミクス研究センター 助教
6. 研究成果の概要及び今後の展望 / Outline of research results and future prospects	今年度は、野外で必要とするササコナフキツノアブラムシの採集を関東地方、関西地方、中国・四国地方、九州地方において行ったが、しかし、いずれの地方においても環境変動によりササコナフキツノアブラムシの生息がほとんど確認できず不調であったため、大きな進展はなかった。そこで、これまでの成果を論文化すべく、本共同研究事業に参加している頼本氏と行った。 今後は、安定的な野外サンプルの採集地を探索するとともに、他の社会性アブラムシの生態についても明らかにし、よりけんきゅの発展を目指すこととする。

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-03-30
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 本橋 令子 所属機関 (Institute) 静岡大学 電話 (Phone no.)	部局 (Department) 学術院農学領域 FAX (FAX no.)	職 (Job Title) 教授 E-Mail
--	--	---	-------------------------------

1. 種別 / Category	個別共同利用研究 / Individual collaborative research projects
2. 課題番号 / Project number	25NIBB347
3. 研究課題名 / Research Project Title	サトイモの遺伝子導入法の確立
4. 所内対応者 / Host Researcher	梅根 一夫
5. 共同利用研究者(敬称略)	本橋 令子：静岡大学 学術院農学領域 教授 石澤悟：静岡大学大学院 農学専攻 大学院生
6. 研究成果の概要及び今後の展望 / Outline of research results and future prospects	単子葉植物であるサトイモにおいて、遺伝子組換え，ゲノム編集の条件検を行うために，Electroporation法で，茎頂へプラスミドpWI-GUSまたは蛍光色素FITC-デキストランを導入し，GUS染色／FITC蛍光と生存率で評価した．pWI-GUS（約4,300 kDa）の導入は極低頻度だったが，約70 kDaのFITC-デキストランは導入可能であった．今後の展望として，RNP（Cas9タンパク質+gRNA）によるゲノム編集を視野に，パルス条件の最適化を進める必要がある．

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-03-31
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): ALI SELEIT 所属機関 (Institute) EMBL Heidelberg 電話 (Phone no.)	部局 (Department) Developmental Biology FAX (FAX no.)	職 (Job Title) Post-Doc E-Mail
--	--	---	-------------------------------------

1. 種別 / Category	個別共同利用研究 / Individual collaborative research projects
2. 課題番号 / Project number	25NIBB348
3. 研究課題名 / Research Project Title	molecular mechanisms of body axis segmentation in the Japanese eel (a. japonica) (continuation of research project from 2024)
4. 所内対応者 / Host Reseacher	亀井 保博
5. 共同利用研究者(敬称略)	Ali Seleit1*, Kazuharu Nomura2, Leon Hilgers3,4, Michael Hiller3,4 , Kiyoshi Naruse5, Yukinori Kazeto6, Alexander Aulehla1* Affiliations: 1 Developmental Biology Unit, European Molecular Biology Laboratory, Heidelberg, Meyerhofstrasse 1, 69117, Heidelberg, Germany 2 Nansei Field Station, Fisheries Technology Institute, Japan Fisheries Research and Education Agency, Minamiise, Mie 516-0193, Japan 3 Senckenberg – Leibniz Institution for Biodiversity and Earth System Research, Senckenberganlage 25, 60325 Frankfurt, Germany 4 Institute of Cell Biology and Neuroscience, Faculty of Biosciences, Goethe University Frankfurt, Max-von-Laue-Str. 9, 60438 Frankfurt, Germany 5 National Institute for Basic Biology, Nishigonaka 38, Myodaiji, Okazaki 444-8585, Aichi, Japan 6 Minamiizu Field Station, Fisheries Technology Institute, Japan Fisheries Research and Education Agency, 183-2 Irozaki, Minamiizu, Kamo, Shizuoka 415-0156, Japan
6. 研究成果の概要及び今後の展望 / Outline of research results and future prospects	We have continued developing A.japonica as a unique model to study the molecular and morphometric basis of body plan evolution in vertebrates. Specifically we have imaged the whole of embryonic development in the Japanese eel using the KEYENCE microscope. We have collected over 600 samples from 24 timepoints of development to start Sci-RNA sequencing. We have the first results from the Bulk RNA-Sequencing on collected samples and this allowed us to supplement the genome annotation file for A.japonica We have performed surgical amputations to assess the regenerative potential of the tail in A.japonica We have developed protocols for mRNA injections and CRISPR/Cas9 injections and live-imaging in A.japonica We are preparing the first publication from the eel project now.

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-04-27
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 愛知 真木子 所属機関 (Institute) 中部大学 電話 (Phone no.)	部局 (Department) 応用生物学部 FAX (FAX no.)	職 (Job Title) 准教授 E-Mail
--	---	--	--------------------------------

1. 種別 / Category	個別共同利用研究 / Individual collaborative research projects
2. 課題番号 / Project number	25NIBB349
3. 研究課題名 / Research Project Title	モウセンゴケ属の無機窒素応答機構の解明
4. 所内対応者 / Host Researcher	長谷部 光泰
5. 共同利用研究者(敬称略)	・ 瀬上 紹嗣：基礎生物学研究所生物進化研究部門 助教 / Shoji Segami: National Institutes of National Sciences, Division of Evolutionary Biology, assistant professor ・ 岡本 樹世：中部大学応用生物学研究科 大学院生 / Juse Okamoto: Chubu University, Graduate School of Bioscience and Biotechnology, graduate student
6. 研究成果の概要及び今後の展望 / Outline of research results and future prospects	Drosera rotundifolia (モウセンゴケ)は食虫植物の一種で、日当たりのよい貧栄養湿地で生育する。我々は、モウセンゴケが貧栄養環境を好むだけでなく、富栄養条件に対して脆弱であることを見出した。本研究では、この特性に関与すると考えられる無機窒素同化系の制御メカニズムを解明することを目的とし、逆遺伝学的解析を可能にするため、非モデル植物モウセンゴケの形質転換技術を確認した長谷部研究室でご指導いただいた。プロトコルをもとに、当研究室においてモウセンゴケへの遺伝子導入を開始した。まず、遺伝子導入の可否を検証する目的でGFP遺伝子の導入を試みた結果、1個体の形質転換体が得られた。現在、形質転換後の株の回復条件や培養条件などについて、当研究室における環境下での培養条件の最適化を進めている。今後は、モウセンゴケの培養と形質転換を繰り返すことで実験の手法の確立と向上を図り、ゲノム編集技術を用いた標的遺伝子破壊にも取り組む予定である。

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-04-23
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 井上 慎太郎 所属機関 (Institute) 徳島大学 電話 (Phone no.)	部局 (Department) バイオイノベーション研究所 FAX (FAX no.)	職 (Job Title) 特任助教 E-Mail
--	---	---	---------------------------------

1. 種別 / Category	個別共同利用研究 / Individual collaborative research projects
2. 課題番号 / Project number	25NIBB351
3. 研究課題名 / Research Project Title	昆虫の構造色形成メカニズムの解明
4. 所内対応者 / Host Researcher	三浦 正幸
5. 共同利用研究者(敬称略)	近藤 真紀：基礎生物学研究所 分野横断研究ユニット 技術職員 真野 昌二：基礎生物学研究所 オルガネラ制御研究室 特任教授 三戸 太郎：徳島大学 バイオイノベーション研究所 教授/所長
6. 研究成果の概要及び今後の展望 / Outline of research results and future prospects	昆虫の外骨格クチクラには、構造色をはじめとする色彩や、強靱さなど、適応的優位性の向上に関わる多様な特性がみられる。本研究では、多様なクチクラの構造的特徴を明らかにすることを目的として、鞘翅に金色光沢の構造色領域と透明領域を併せ持つ甲虫目ハムシ科昆虫の一種を対象に、クチクラの透過型電子顕微鏡観察を行った。光干渉に基づく構造色発現のためには、可視光の波長より細かな膜構造が要求される。本研究では構造色領域特異的に、1層あたり100 nm弱の厚さをもち、層ごとに電子密度が交互に異なる多層構造がクチクラ内に観察された。シミュレーションによって、当該構造が実際の構造色に類似した光干渉を生じうる可能性が示された。これらの結果から、この構造が個体における構造色発現に寄与していると考えられた。一方、透明領域および未発色の新生成虫においては上記と同一の構造は認められないが、光干渉への寄与は低いと考えられる比較的粗い層構造（約1 μm）が観察された。今後はこのような構造多様性を制御する分子機構の解明を目指す。そのため現在、我々が新たにアセンブルしたゲノム情報を活用し、クチクラ形成に関わる遺伝子の機能解析を進めている。

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-04-28
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 藤本 仰一 所属機関 (Institute) 広島大学 電話 (Phone no.)	部局 (Department) 統合生命研究科 FAX (FAX no.)	職 (Job Title) 教授 E-Mail
--	--	---	-------------------------------

1. 種別 / Category	個別共同利用研究 / Individual collaborative research projects
2. 課題番号 / Project number	25NIBB352
3. 研究課題名 / Research Project Title	種内多型を利用したテントウムシ斑紋形成メカニズムの解明
4. 所内対応者 / Host Researcher	新美 輝幸
5. 共同利用研究者(敬称略)	藤本 仰一： 広島大学 統合生命研究科 数理生命プログラム 教授 武田 諒： 広島大学 統合生命研究科 数理生命プログラム 大学院生
6. 研究成果の概要及び今後の 展望 / Outline of research results and future prospects	本研究課題の遂行にあたり、申請者は基礎生物学研究所に滞在し、ナミテントウを中心としたテントウムシ類の鞘翅斑紋サンプルの画像取得および解析を行った。テントウムシ類は同一種内であっても鞘翅上の斑紋配置や斑紋数、斑紋サイズが大きく異なる種内多型を示すため、その多様性を客観的に比較するためには、再現性の高い画像取得と定量解析の基盤が不可欠である。そこで本滞在では、同施設内に整備されている甲虫の鞘翅撮影に特化した撮影システムを利用し、斑紋パターンを高精度に記録した。 取得した画像については、鞘翅輪郭および斑紋領域を抽出し、斑紋の位置、面積、数、配置関係などを定量化する解析を進めた。特に、同一種内に存在する複数の斑紋型を比較することで、単なる色彩や模様の違いではなく、斑紋配置にどのような規則性が存在するのかを検討するためのデータセットを構築した。これにより、テントウムシの種内多型を形態学的に記述するだけでなく、斑紋形成を制御する発生機構を推定するための基盤を築くことができた。 本成果の重要な点は、これまで定性的に扱われがちであったテントウムシの斑紋多型を、画像解析に基づいて比較可能な形態データとして整理できるようになった点にある。斑紋の有無や形状の違いを個別に記載するだけでなく、鞘翅全体における斑紋の空間配置を数値化することで、種内多型間に共通する構造的特徴や、型ごとに異なる形成過程の可能性を検討できるようになった。これは、斑紋多様性の背後にある保存的な発生制御機構を明らかにするうえで重要な足がかりとなる。 今後は、基礎生物学研究所において実施可能なRNAi実験と、今回整備した画像解析手法を組み合わせることで、斑紋形成に関与する候補遺伝子の機能解析を進める予定である。具体的には、候補遺伝子の発現や機能を攪乱した個体において、鞘翅斑紋の位置、サイズ、数、配置がどのように変化するかを定量的に評価する。これにより、テントウムシの種内多型を生み出す遺伝子発現制御の基盤を明らかにし、多様な斑紋パターンがどのような共通原理のもとで形成されるのかを解明することを目指す。

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-05-18
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 山下 隆義 所属機関 (Institute) 中部大学 電話 (Phone no.)	部局 (Department) 工学部 FAX (FAX no.)	職 (Job Title) 教授 E-Mail
--	--	---	-------------------------------

1. 種別 / Category	個別共同利用研究 / Individual collaborative research projects
2. 課題番号 / Project number	25NIBB353
3. 研究課題名 / Research Project Title	単一細胞データからの遺伝子解析に向けた大規模基盤モデルの開発
4. 所内対応者 / Host Researcher	重信 秀治
5. 共同利用研究者(敬称略)	藤吉弘亘：中部大学理工学部AIロボティクス学科 教授 平川翼：中部大学AI数理データサイエンスセンター 講師
6. 研究成果の概要及び今後の展望 / Outline of research results and future prospects	単一細胞RNAシーケンシング（scRNA-seq）は、個々の細胞レベルでのトランスクリプトーム解析を可能にし、細胞の多様性や希少集団の解明に広く活用されている。近年、GeneformerやMouse-Geneformerといった深層学習モデルが細胞型分類やin silico摂動実験において高い性能を示しているが、これらは種特異的に設計されており、種間の汎化やトランスレーショナル応用に限界がある。本研究では、ヒトとマウスのscRNA-seqデータを統一的な表現空間に統合するTransformerベースのモデルMix-Geneformerを提案する。Mix-Geneformerは、Masked Language Modeling（MLM）とSimCSEベースの対照学習を組み合わせたハイブリッド自己教師あり学習戦略により、種間で共有される遺伝子パターンと種固有の遺伝子パターンの双方を捕捉する。さらに、Rank Value Encodingにより高分散遺伝子のシグナルを強調する。ヒトおよびマウスの多様な臓器に由来する約5,000万細胞で事前学習を行った結果、Mix-Geneformerは細胞型分類およびin silico摂動タスクにおいて既存の種特異的モデルと同等以上の性能を達成し、マウス腎臓データでは95.8%の分類精度を記録した。また、糖尿病性腎症、多発性嚢胞腎、アルツハイマー病の3つの疾患モデルにおいて、in vivo研究で検証済みの主要な制御遺伝子の同定に成功した。Mix-Geneformerは、スケーラブルな種間トランスクリプトームモデリングを実現し、比較トランスクリプトミクスおよびトランスレーショナル研究のための有用な基盤モデルとなることが期待される。

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-04-27
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 樫尾 宗志朗 所属機関 (Institute) 東北大学 電話 (Phone no.)	部局 (Department) 加齢医学研究所 FAX (FAX no.)	職 (Job Title) 助教 E-Mail
1. 種別 / Category	個別共同利用研究 / Individual collaborative research projects		
2. 課題番号 / Project number	25NIBB354		
3. 研究課題名 / Research Project Title	ショウジョウバエ脂肪体におけるSAM代謝動態と制御機構の解明		
4. 所内対応者 / Host Researcher	三浦 正幸		
5. 共同利用研究者(敬称略)	三浦 正幸：基礎生物学研究所 所長 重信 秀治：基礎生物学研究所 超階層センター 教授 吉田 拓也：基礎生物学研究所 トランスオミクス解析室 特任准教授 森 友子：基礎生物学研究所 トランスオミクス解析室 技師 大澤 園子：基礎生物学研究所 進化ゲノミクス研究室 主任技術員		
6. 研究成果の概要及び今後の 展望 / Outline of research results and future prospects	本研究では、ショウジョウバエ脂肪体におけるSAMの細胞内局在とその代謝制御機構の解明を目的としている。本年度は、野生型ショウジョウバエ幼虫の全身凍結切片に対するMS imagingを実施し、SAMの検出および空間分布の可視化に成功した。 今後は、同一切片上で細胞輪郭および核を明確化し、SAMの細胞内局在（核・細胞質間の分布）を高解像度で解析する。さらに、SAM低下条件（遺伝学的操作や栄養条件操作）における個体を用いて、SAM量の減少とその空間分布変化を解析することで、細胞内コンパートメントにおけるSAM代謝の空間的制御機構の解明を目指す。		

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-04-13
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 竹花 佑介 所属機関 (Institute) 長浜バイオ大学 電話 (Phone no.)	部局 (Department) バイオサイエンス学部 FAX (FAX no.)	職 (Job Title) 教授 E-Mail
--	---	--	-------------------------------

1. 種別 / Category	個別共同利用研究 / Individual collaborative research projects
2. 課題番号 / Project number	25NIBB355
3. 研究課題名 / Research Project Title	メダカ属魚類の生殖隔離機構に関する研究
4. 所内対応者 / Host Researcher	梅根 一夫
5. 共同利用研究者(敬称略)	竹花 佑介：長浜バイオ大学 教授 梅根 一夫：基礎生物学研究所 RMC准教授 成瀬 清：基礎生物学研究所 特任研究員 アイメ バトリック：長浜バイオ大学 大学院生 水戸 直：長浜バイオ大学 研究員
6. 研究成果の概要及び今後の展望 / Outline of research results and future prospects	本研究では、近縁な2種であるハブスメダカ（<i>Oryzias hubbsi</i>）とジャワメダカ（<i>O. javanicus</i>）の間に存在する生殖隔離機構の一因として、精子運動性に注目した解析を行った。両種はジャワ島西部のチサダネ川河口域において同所的に生息するが、これまでの研究により、自然集団においてF1雑種が確認されず、遺伝子浸透も見られないことが明らかになっている。人工交配実験を実施したところ、雑種が作出可能であるものの、受精率の著しい低下や雑種の不稔、性比の偏りが観察された。これにより、生殖隔離が交配前後の複数段階で機能している可能性が示された。 なかでも注目すべきは、両種が異なる塩分環境に棲み分けている点である。ハブスメダカは主に淡水域、ジャワメダカは汽水域に生息しており、この環境差が生殖隔離に関与している可能性がある。特に、精子の運動性や生存性が環境塩分濃度に依存して変化する場合、種ごとの環境適応が交配成功率に大きく影響することが予想される。予備実験にてCASA（Computer Assisted Sperm Analysis）装置を用いた定量解析を実施したところ、海水においてハブスメダカの精子運動速度がジャワメダカよりも低下する傾向が観察された。 そこで今後は、両種の成熟雄から精子を採取し、純淡水、1/2海水および海水の3つの条件下において、CASA装置を用いた定量的解析を行う。測定項目としては、精子の運動速度、運動率、直進性、生存時間などを設定し、種間および環境条件間での違いを統計的に比較する。これにより、両種の精子がそれぞれの生息環境に対して機能的に適応しているかどうかを検証し、生殖隔離機構の一部として配偶子レベルでの適応的分化の有無を明らかにすることを目指す。

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-05-10
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 井川 武 所属機関 (Institute) 広島大学 電話 (Phone no.)	部局 (Department) 両生類研究センター FAX (FAX no.)	職 (Job Title) 准教授 E-Mail
--	---	---	--------------------------------

1. 種別 / Category	個別共同利用研究 / Individual collaborative research projects
2. 課題番号 / Project number	25NIBB356
3. 研究課題名 / Research Project Title	生息温度が異なるカジカガエル類における精子運動能と有酸素性エネルギー代謝関連タンパク質の分子進化
4. 所内対応者 / Host Researcher	渡辺 英治
5. 共同利用研究者(敬称略)	成瀬 清：基礎生物学研究所IBBPセンター 特任教授 浅枝 優花：広島大学大学院統合生命科学研究科生命医科学プログラム 大学院生 荻野 由紀子：九州大学大学院農学研究院 准教授 荻野 肇：広島大学両生類研究センター 教授
6. 研究成果の概要及び今後の展望 / Outline of research results and future prospects	リュウキュウカジカガエルとカジカガエルの精子を16℃、22℃、28℃、34℃の4温度群に分け、5分・15分・30分・60分経過時点の映像を記録し、精子の生存率と運動能を算出した。結果として、2種間で生存率に大きな差はなかった。リュウキュウカジカガエルは温泉に生息するカエルであるが、34℃においてもカジカガエルと同様に生存率が低下していた。運動能は一定時間当たりのストローク数をカウントした。これはカジカガエルの方が多い傾向にあった。リュウキュウカジカガエルとカジカガエルでは精子の大きさが異なり、加えて繁殖する環境もリュウキュウカジカガエルよりカジカガエルの方が流れが速い河川に生息するために違いが生じたと考えられる。 一方で、最初から死亡している精子が多く、使用したカエルの個体数も少なかったため、種間差を正しく観察できたとは言い難い。今後の展望として、使用するカエルの個体数を多く確保した上で繁殖期に実験を行う、卵ゼリーを添加して精子を活性化させるなどして手法を改善した上で再び生存率を計測したい。さらに今後2種間で精子の生存率に違いが検出された場合は、細胞内の活性酸素の発生率を計測するなどして生存率の差に関わる要因を特定したい。

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-03-31
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 安部 力 所属機関 (Institute) 福井大学 電話 (Phone no.)	部局 (Department) 学術研究院医学系部門 FAX (FAX no.)	職 (Job Title) 教授 E-Mail
--	---	--	-------------------------------

1. 種別 / Category	個別共同利用研究 / Individual collaborative research projects
2. 課題番号 / Project number	25NIBB357
3. 研究課題名 / Research Project Title	マウス系統保存のための凍結精子作製
4. 所内対応者 / Host Researcher	作田 拓
5. 共同利用研究者(敬称略)	該当なし
6. 研究成果の概要及び今後の 展望 / Outline of research results and future prospects	本研究では、Vglut2-cre、Vgat-cre、DBH-cre、ChAT-cre、Phox2b-cre、Ai32、Klotho-flox、Ribotagの計8系統のマウスについて凍結精子の作製を行い、すべての系統において凍結保存を完了した。作製した凍結精子はIBBPセンターにて適切に保管されている。 さらに、これらの凍結精子の一部を福井大学へ輸送し、体外受精および個体化を実施した結果、すべての系統において正常な個体の再生に成功した。これにより、各系統の安定的な維持およびバックアップ体制が確立され、災害時等のリスクにも対応可能な研究基盤が整備された。 今後は、これらの遺伝子改変マウスを活用し、自律神経系を介した炎症制御機構の解明を進める。特に、特定神経集団の操作と免疫応答の関連を解析することで、神経—免疫連関に基づく新たな炎症制御戦略の創出を目指す。

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-03-31
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 川口 真理 所属機関 (Institute) 上智大学 電話 (Phone no.)	部局 (Department) 理工学部物質生命理工学科 FAX (FAX no.)	職 (Job Title) 准教授 E-Mail
--	--	--	--------------------------------

1. 種別 / Category	個別共同利用研究 / Individual collaborative research projects
2. 課題番号 / Project number	25NIBB358
3. 研究課題名 / Research Project Title	タツノオトシゴの育児嚢における胎盤形成過程の観察
4. 所内対応者 / Host Researcher	藤森 俊彦
5. 共同利用研究者(敬称略)	伊藤 理咲子：上智大学理工学部物質生命理工学科 学部4年
6. 研究成果の概要及び今後の 展望 / Outline of research results and future prospects	タツノオトシゴのオスに特異的に形成される育児嚢について、その3次元構造と形成過程を明らかにすることを目的として解析を進めた。育児嚢形成の誘導因子として雄性ホルモン11KTをメスに処理し、14日、21日、28日、35日に解剖し、組織観察を行った。育児嚢の形成過程を見るために、尾部の連続切片を作製し、HE染色を行ったところ、いずれも育児嚢領域はエオシンで薄く染まる内層と濃く染まる外層に分かれた。鍍銀染色を行うと、14日目では3個体中1個体だけ細網線維が観察されるものの残る2個体では観察されず、21日目以降からすべての個体で内層が黒色に染まる細網線維で構成されていた。このことから胎盤が形成され始めるのが14日頃からと予想された。 さらに、マッソントリクローム染色を行うと、28日目までは平滑筋は観察されず、35日目では4個体中2個体だけで育児嚢に平滑筋が観察され、28日目まではいずれの個体からも平滑筋は観察されなかった。平滑筋は育児嚢の開口部の開閉に関わると考えられており、育児嚢の形成の初期にはまだ形成されていないと考えられる。

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-04-13
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 高橋 俊一 所属機関 (Institute) 琉球大学 電話 (Phone no.)	部局 (Department) 熱帯生物圏研究センター FAX (FAX no.)	職 (Job Title) 教授 E-Mail
1. 種別 / Category	個別共同利用研究 / Individual collaborative research projects		
2. 課題番号 / Project number	25NIBB359		
3. 研究課題名 / Research Project Title	サンゴと褐虫藻の共生機構の解明		
4. 所内対応者 / Host Researcher	藤森 俊彦		
5. 共同利用研究者(敬称略)	新保秀美：琉球大学理工学研究科・博士後期課程1年 阿部友子：琉球大学理工学研究科・博士後期課程1年 横山友起：琉球大学理工学研究科・博士前期課程2年 田辺 馨：琉球大学理工学研究科・博士前期課程2年		
6. 研究成果の概要及び今後の 展望 / Outline of research results and future prospects	サンゴと褐虫藻の共生機構の解明を目的に、モデル生物のイソギンチャクと単離培養された褐虫藻を用いて観察実験を行った。褐虫藻は宿主のイソギンチャクの細胞内に共生しているが、これまでに褐虫藻が細胞内に取り込まれる瞬間や、吐き出される瞬間が観察された例はない。そこで、藤森教授の研究室に備わる異なる顕微鏡を用い、それらの瞬間が捉えられる可能性と条件を検討した。検討の結果、高温ストレスにより褐虫藻がイソギンチャクの胃腔内を移動し出す瞬間の撮影に成功した。しかし、これは低倍率での撮影であったため、宿主細胞から褐虫藻が吐き出される様子の観察には至らなかった。その様子を観察（撮影）するために、高倍率での観察も試みたが、今回の滞在中に、その様子を捉えることはできなかった。今後、褐虫藻が吐き出される条件とピークを検討することで、その瞬間を捉えられる可能性が高まると考えられる。今後も藤森教授との共同研究を続け、宿主細胞から褐虫藻が吐き出される様子の観察を実現させたい。		

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-04-28
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 竹中 將起 所属機関 (Institute) 筑波大学 電話 (Phone no.)	部局 (Department) 生命環境系 FAX (FAX no.)	職 (Job Title) 助教 E-Mail
--	--	---	-------------------------------

1. 種別 / Category	個別共同利用研究 / Individual collaborative research projects
2. 課題番号 / Project number	25NIBB360
3. 研究課題名 / Research Project Title	非モデル昆虫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
4. 所内対応者 / Host Researcher	森田 慎一
5. 共同利用研究者(敬称略)	森田 慎一（基礎生物学研究所・進化発生研究部門・助教）
6. 研究成果の概要及び今後の展望 / Outline of research results and future prospects	昆虫類が地球上で最も高い種多様性を獲得した主要因である翅の起源を究明する。他の分類群に相同な構造のない進化的新奇性である昆虫翅の起源に関して、2世紀以上にもわたって議論されてきたが、未だにコンセンサスは得られていない。そこで、昆虫の翅獲得における系統学的に重要な位置づけであるカゲロウ類のフタスジモンカゲロウEphemera japonicaとマダラシミThermobia domesticaを対象として以下の研究を実施した。 遺伝子の発現パターン これまでに、カゲロウ類とシミ類のポリクローナル抗体（vg）を作製してきた。そこで翅形成に重要な遺伝子であるvgが各種の様々な発生ステージにおいてどのように発現しているかを解析する。来所する前に、筑波大で実験に必要な胚を作製し、基礎生物学研究所において抗体染色を実施した。その結果、マダラシミの初期発生期において、VGタンパク質の発現を確認した。 今後、マダラシミの様々なステージでの発現パターンを解析することに加えて、カゲロウ類でも同様に実験を計画している。

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-04-28
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 下嶋 美恵 所属機関 (Institute) 東京科学大学 電話 (Phone no.)	部局 (Department) 生命理工学院 FAX (FAX no.)	職 (Job Title) 准教授 E-Mail
1. 種別 / Category	個別共同利用研究 / Individual collaborative research projects		
2. 課題番号 / Project number	25NIBB362		
3. 研究課題名 / Research Project Title	ヒメツリガネゴケにおける膜脂質転換機構の解析		
4. 所内対応者 / Host Researcher	長谷部 光泰		
5. 共同利用研究者(敬称略)	石川雅樹：基礎生物学研究所 生物進化研究部門 助教 望月郁男：東京科学大学生命理工学院 大学院生 益尾広大：東京科学大学生命理工学院 大学院生		
6. 研究成果の概要及び今後の 展望 / Outline of research results and future prospects	ヒメツリガネゴケにおけるリン欠乏時の膜脂質転換機構の解析を行ったところ、他の陸上植物と同様にリン脂質から糖脂質またはベタイン脂質への転換が起こることを確認した。その一方で、脂質に含まれる脂肪酸種にも大きな変化が起こることがわかり、ヒメツリガネゴケ特有の適応をしていることが示唆された。この脂肪酸種の変化に寄与する可能性のある複数の遺伝子についてリン酸十分および欠乏生育条件下で発現解析を行い、そのうちの2遺伝子についてヒメツリガネゴケの機能欠損変異体作出を開始した。また、種子植物ではリン欠乏時の膜脂質転換に寄与することが報告されている脂質輸送タンパク質について、ヒメツリガネゴケにおける遺伝子発現解析を行ったが、種子植物とはリン欠乏応答が異なることがわかった。この脂質輸送タンパク質遺伝子についても、ヒメツリガネゴケの機能欠損変異体の作出を開始した。本研究は継続課題として、2026年度に得られた変異体の単離と解析を行う予定である。		

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-04-28
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 後藤 明弘 所属機関 (Institute) 京都大学 電話 (Phone no.)	部局 (Department) 白眉センター FAX (FAX no.)	職 (Job Title) 特定准教授 E-Mail
--	--	--	----------------------------------

1. 種別 / Category	個別共同利用研究 / Individual collaborative research projects
2. 課題番号 / Project number	25NIBB363
3. 研究課題名 / Research Project Title	加齢関連変化に関する自律神経系研究用マウス系統保存のための凍結精子作製
4. 所内対応者 / Host Reseacher	作田 拓
5. 共同利用研究者(敬称略)	後藤明弘：京都大学/特定准教授/ Akihiro Goto: Kyoto University, Hakubi center 作田 拓：自然科学研究機構 基礎生物学研究所 / Hiraki Sakuta: National Institutes of Natural Sciences National Institute for Basic Biology
6. 研究成果の概要及び今後の展望 / Outline of research results and future prospects	本研究により、加齢関連変化に関する自律神経系研究用マウス系統保存のための凍結精子作製を行った。 これにより、上記マウス系統の精子の凍結保存が順調に行われ、本研究において重要なバックアップとして適正に保存されている。 今後はこの凍結精子から個体化を行うことにより、さらなる研究の推進が期待される。

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-04-27
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 今田 弓女 所属機関 (Institute) 京都大学 電話 (Phone no.)	部局 (Department) 理学研究科 FAX (FAX no.)	職 (Job Title) 助教 E-Mail
--	--	---	-------------------------------

1. 種別 / Category	個別共同利用研究 / Individual collaborative research projects
2. 課題番号 / Project number	25NIBB364
3. 研究課題名 / Research Project Title	スズメガ科昆虫の幼虫がもつ突起状構造物の生態形態学的研究
4. 所内対応者 / Host Researcher	森田 慎一
5. 共同利用研究者(敬称略)	爲則咲百合： 京都大学大学院理学研究科 大学院生 / Sayuri Tamenori: Kyoto University, Graduate School of Science, graduate student
6. 研究成果の概要及び今後の展望 / Outline of research results and future prospects	本研究では、鱗翅目スズメガ科の幼虫が第8腹節背面に有する、1本の長く突出した「尾角」に注目した。尾角はスズメガ科のほぼすべての種にみられる保守的な形質であり、種や齢間で可動性などに変異がある。本研究では、尾角を対象とした形態・解剖学的調査と、捕食者や植物との関係などの生態学的調査から、尾角の構造と機能の適応進化を多角的に検証した。 基生研のX線CTを用いて、幼虫の尾角の可動性には表皮クチクラの肥厚や内部の筋肉が関与している可能性を調べ、尾角のある腹脚第8節およびその近傍の組織を観察したところ、尾角の近傍にある筋肉の付着点および走行・配向状態の可視化に成功した。これらの筋肉が尾角の可動性に寄与する可能性が示唆された。 今後、さらに異なる齢や尾角を喪失した種の個体を用いた観察のため継続申請をおこない、可動式の尾角をもつことの意義についても今後、検証実験を実施予定である。

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-04-17
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 林 謙一郎 所属機関 (Institute) 岡山理科大学 電話 (Phone no.)	部局 (Department) 生命科学部生物科学科 FAX (FAX no.)	職 (Job Title) 教授 E-Mail
--	--	--	-------------------------------

1. 種別 / Category	個別共同利用研究 / Individual collaborative research projects
2. 課題番号 / Project number	25NIBB365
3. 研究課題名 / Research Project Title	植物ホルモンの可視化に関する研究
4. 所内対応者 / Host Researcher	森田 美代
5. 共同利用研究者(敬称略)	林 謙一郎：岡山理科大学 生命科学部 生物科学科 教授：Okayama University of Science, Department of Bioscience, Professor
6. 研究成果の概要及び今後の 展望 / Outline of research results and future prospects	植物ホルモンの一種であるオーキシン(インドール-3-酢酸)は、細胞の伸長、分裂、分化、さらには胚発生や器官形成に至るまで、植物のライフサイクル全般を統御するマスターレギュレーターである。その生理的作用は、組織内におけるオーキシンの局所的な蓄積や濃度勾配によって時空間的に厳密に制御されており、この「オーキシン分布の不均一性」が細胞に位置情報を与える主要な制御因子として機能している。こうした濃度勾配は、細胞膜上に極性配置された輸送体による極性輸送や、各組織における生合成および代謝の精緻なバランスによって維持されている。 植物の環境応答や形態形成プロセスの全容を解明するためには、これらオーキシン分布の動態(ダイナミクス)を高精度に可視化する技術が不可欠である。しかし、既存のレポーター系では感度や時間分解能、あるいは可逆性の面で課題が残る場合も少なくない。そこで本研究では、「相分離原理」を基盤とし、オーキシン濃度変化に対して可逆的かつ迅速に応答する新型蛍光センサーの設計・構築を試みた。具体的には、オーキシン受容体とリプレッサーを認識モジュールとして配置し、オーキシン依存的な相互作用を核として蛍光輝点凝集(相分離現象)を引き起こす分子センサーを開発した。本センサーの性能を評価したところ、オーキシン処理後1分以内に明瞭な蛍光輝点の形成が誘導されることを確認した。 今年度は、開発したセンサーを用いて、重力屈性応答時における根先端部でのオーキシン不等分布解析を実施した。その結果、本センサーを発現するシロイヌナズナの根端において、重力刺激に伴うオーキシンの偏り(不等分布)をリアルタイムで可視化することに成功した。以上の結果から、本センサーはオーキシンの時空間的な動態解析において極めて有効なツールになると期待される。

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-04-30
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 中川 颯也 所属機関 (Institute) 新潟大学 電話 (Phone no.)	部局 (Department) 自然科学系 農学部 FAX (FAX no.)	職 (Job Title) 助教 E-Mail
--	--	---	-------------------------------

1. 種別 / Category	個別共同利用研究 / Individual collaborative research projects
2. 課題番号 / Project number	25NIBB366
3. 研究課題名 / Research Project Title	高温ストレス耐性イネ育種に向けたOsFBA6のSUMO化制御機構の解析
4. 所内対応者 / Host Researcher	星野 敦
5. 共同利用研究者(敬称略)	・伊藤紀美子：新潟大学農学部 教授 ・吉田拓也：基礎生物学研究所 特任准教授 ・金子陽南：新潟大学大学院自然科学研究科 大学院生
6. 研究成果の概要及び今後の 展望 / Outline of research results and future prospects	地球温暖化の進行に伴い、水稻の登熟期における高温ストレスは深刻化し、収量低下や玄米品質の劣化が課題となっている。登熟期の高温は光合成能の低下や同化産物の分配異常を引き起こすため、これを克服する分子機構の解明が求められている。 本研究では、高温条件下で光合成機能の維持や品質安定化に関与する代謝関連タンパク質に着目し、その機能制御機構の解明を目的とする。これまでに当該タンパク質が高温下で光合活性の低下を抑制し、玄米品質の改善に寄与することを見出しているが、その制御機構には未解明な点が多い。そこで、翻訳後修飾に着目し、特に可逆的な修飾による機能制御の関与を検証する。具体的には、対象タンパク質と修飾因子の相互作用に基づき、細胞内局在および機能調節を解析する。蛍光標識によるライブセルイメージングを用いて共局在を検証し、修飾が局在や活性に与える影響を明らかにする。さらに、発現量を変化させた植物体を用いて代謝プロファイルを網羅的に解析し、高温ストレスに対する代謝応答の全体像を把握する。 本研究により、高温環境下における代謝制御と生理的適応の分子基盤を明らかにし、環境変動に強い作物生産に資する基礎的知見の創出を目指す。

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-04-30
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 植村 知博 所属機関 (Institute) お茶の水女子大学 電話 (Phone no.)	部局 (Department) 基幹研究院・自然科学系 FAX (FAX no.)	職 (Job Title) 教授 E-Mail
--	--	---	-------------------------------

1. 種別 / Category	個別共同利用研究 / Individual collaborative research projects
2. 課題番号 / Project number	25NIBB367
3. 研究課題名 / Research Project Title	ゼニゴケ糖転移酵素POT1の機能解析
4. 所内対応者 / Host Researcher	上田 貴志
5. 共同利用研究者(敬称略)	植村知博 お茶の水女子大学基幹研究院・自然科学系 教授 伊藤容子 お茶の水女子大学ヒューマンライフサイエンス研究所 特任助教 RZEPECKA NATALIA お茶の水女子大学基幹研究院 リサーチフェロー
6. 研究成果の概要及び今後の展望 / Outline of research results and future prospects	本研究では、提案代表者らが発見したシロイヌナズナの新規糖鎖修飾酵素GTLPファミリーのゼニゴケにおける唯一のホモログであるMpGTLPについて、局在・機能を解明することを目指し、MpGTLP-GFPのゼニゴケ細胞内局在のライブイメージングと、Mpgtlp変異ゼニゴケ株の表現型解析、さらにそれらのシロイヌナズナGTLPとの比較を行う計画である。2025年度には、基礎生物学研究所・細胞動態解析部門（上田貴志教授）の金澤健彦助教により、MpGTLP-GFP発現ゼニゴケ株と、Mpgtlp変異ゼニゴケ株の作出に成功した。予備的な解析により、MpGTLP-GFPがゼニゴケ細胞内でゴルジ体と推測されるオルガネラに局在すること、さらにMpgtlp変異ゼニゴケ株が生殖に異常を示すことが明らかになった。これらのさらなる詳細な解析に加え、ゼニゴケのMpGTLPがシロイヌナズナのgtlp変異体を、あるいは逆にシロイヌナズナのGTLPがゼニゴケのMpgtlp変異体の表現型を相補するかを調べるために、ナタリア・ジェベツカ研究員と伊藤容子特任助教（当時・共にお茶の水女子大学）が細胞動態学部門の研究室を訪問し、まずは基本的なゼニゴケの育成方法や形質転換の手法を学んだ。そこで共有されたプロトコルをもとに、お茶の水女子大学でもゼニゴケの育成に取り組み、細胞動態学部門とのディスカッションや進捗報告を交えながら、安定的にゼニゴケを維持できる環境（光、温度、給水条件など）を構築することに成功した。現在はお茶の水女子大学で育成したゼニゴケ株への形質転換を試みており、予備実験として導入した小胞体マーカーによる形質転換体が無事に得られている。これらの成果の一部は、2026年3月に開催された第67回日本植物生理学会年会において発表した。 今後は、2025年度に構築したゼニゴケ育成・形質転換のシステムを用い、MpGTLP-GFPの細胞内局在の詳細なライブイメージングや変異体の配偶子の観察、またMpgtlp変異体のシロイヌナズナGTLPによる相補実験を行う予定である。また、ゼニゴケの形質転換や配偶子形成誘導については効率等の上で改善の余地があり、今後もお茶の水女子大学側メンバーの細胞動態学部門への訪問による技術習得やディスカッションを行い、安定したデータ取得を目指す。こうして得られた結果を総合して、GTLPファミリーの機能の進化について明らかにすることで、陸上植物の新たな糖鎖修飾とその意義に光を当てる。

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-04-16
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 加藤木 高広 所属機関 (Institute) 東海大学 電話 (Phone no.)	部局 (Department) 総合農学研究所 FAX (FAX no.)	職 (Job Title) 特定助教 E-Mail
1. 種別 / Category	個別共同利用研究 / Individual collaborative research projects		
2. 課題番号 / Project number	25NIBB368		
3. 研究課題名 / Research Project Title	モウセンゴケ属植物の花成および二次代謝産物生成経路を制御する遺伝子群の機能的解明		
4. 所内対応者 / Host Researcher	長谷部 光泰		
5. 共同利用研究者(敬称略)	該当なし		
6. 研究成果の概要及び今後の展望 / Outline of research results and future prospects	モウセンゴケ属は、食虫植物として特異な生態を示すのみならず、花成制御においても長日性・短日性・中性など多様な花成誘導型を示し、さらに休眠芽形成の有無など属内で多様な形質を獲得している。また、二次代謝産物についても捕虫に関連した代謝系の進化が示唆されているが、その分子基盤は未解明である。本研究では、モウセンゴケ、コモウセンゴケ、およびその複二倍雑種起源種であるトウカイコモウセンゴケを対象として、花成関連遺伝子群とアントシアニン生合成酵素遺伝子群を解析し、その相互作用を分子レベルで明らかにすることを目的としている。今年度は、モウセンゴケにおける遺伝子機能解析系の確立を目指して、遺伝子組換え手法の導入に取り組んだ。その一環として、基礎生物学研究所において、他の植物とは異なるモウセンゴケに適した新たな遺伝子組換え手法を学び、本学での組換え系統確立に向けた実験系の整備を進めた。その結果、今後の花成関連遺伝子およびアントシアニン生合成関連遺伝子の機能解析を進めるための基盤構築に向けて、重要な知見を得ることができた。今後は、本学において組換え系統の安定的な作出条件を確立し、花成関連遺伝子群とアントシアニン生合成酵素遺伝子群の発現解析および機能解析を進める予定である。さらに、モウセンゴケ、コモウセンゴケ、トウカイコモウセンゴケの比較を通じて、花成誘導型の違いと色素代謝制御との関連、ならびにそれらの進化的背景を明らかにすることを目指す。		

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-04-04
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 恒岡 洋右 所属機関 (Institute) 東邦大学 電話 (Phone no.)	部局 (Department) 医学部 FAX (FAX no.)	職 (Job Title) 准教授 E-Mail
--	--	---	--------------------------------

1. 種別 / Category	個別共同利用研究 / Individual collaborative research projects
2. 課題番号 / Project number	25NIBB369
3. 研究課題名 / Research Project Title	性的二型神経マーカー分子のマウス系統保存のための凍結精子作製
4. 所内対応者 / Host Researcher	作田 拓
5. 共同利用研究者(敬称略)	該当なし
6. 研究成果の概要及び今後の展望 / Outline of research results and future prospects	Moxd1-Cre系統のオスを受託し、凍結精子の作成と保存を行った。無事２匹のオスから精子を採取でき、現在も保存されている。

統合ゲノミクス共同利用研究

25NIBB401 食品製造環境、と畜場・食鳥処理場環境における *Listeria monocytogenes* の菌型解析および保有遺伝子の網羅的解析

下島 優香子 東洋大学食環境科学部

25NIBB402 新規モデル生物イベリアトゲイモリのゲノム情報整備

松波 雅俊 琉球大学大学院医学研究科

25NIBB403 イメージング質量分析を利用したラットの脳内神経伝達物質の分布解析

辻 雅弘 京都女子大学家政学部食物栄養学科

25NIBB404 質量分析によるマウス胚-子宮相互作用の時空間プロファイリング

藤森 俊彦 基礎生物学的研究所初期発生研究部門

25NIBB405 社会性行動を司る脳機構とその進化解明に向けたハナバチ類の研究基盤の構築

久保 健雄 東京大学大学院理学系研究科

25NIBB406 昆虫新奇形質の形成メカニズムの解明

新美 輝幸 基礎生物学的研究所進化発生研究部門

25NIBB407 ショウジョウバエを宿主とする内部寄生蜂 *Asobara* 属の毒タンパク質の比較ゲノミクス解析

丹羽 隆介 筑波大学生存ダイナミクス研究センター

25NIBB408 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

後藤 晋 東京大学大学院農学生命科学研究科

25NIBB409 ウチワサボテンのゲノム解析

前島 正義 中部大学応用生物学部

25NIBB410 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

- 25NIBB411 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
- 25NIBB412 アブラムシによるゴール形成機構の解明
杉本 慶子 理化学研究所環境資源科学研究センター
- 25NIBB413 真核生物の染色体が線状であることの生物学的意義の解明
田中 克典 関西学院大学生命環境学部 生物科学科
- 25NIBB414 初期胚発生過程におけるゲノム制御機構の探索
加藤 君子 愛知県医療療育総合センター発達障害研究所
- 25NIBB415 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
- 25NIBB416 シナプス機能制御因子群のプロテオミクス解析
深田 正紀 名古屋大学大学院医学系研究科
- 25NIBB417 フジコナカイガラムシのゲノム解析
一柳 健司 名古屋大学大学院生命農学研究科
- 25NIBB418 シロアリにおけるカースト特異的発現遺伝子の進化機構
前川 清人 富山大学学術研究部理学系
- 25NIBB419 植物常在性細菌による宿主生理操作を担う因子の探索
中野 亮平 北海道大学理学院生物科学部門形態機能学分野
- 25NIBB420 昆虫の内部共生微生物に関する研究
森山 実 産業技術総合研究所生命工学領域
- 25NIBB421 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
- 25NIBB422 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 鳥取大学医学部

25NIBB423 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

25NIBB424 寄生性甲殻類フクロムシ類の比較ゲノム解析

豊田 賢治 広島大学統合生命科学研究科

25NIBB425 有用甲殻類の性分化を制御する内分泌動態の解明

豊田 賢治 広島大学統合生命科学研究科

25NIBB426 世界のピロリ菌 1000 株のゲノムとメチロームに基づく進化機構の解析

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

25NIBB427 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 大阪公立大学大学院理学研究科

25NIBB428 Genomics and Systematic Functional Analysis of the Neurodevelopmental Mechanisms of the Model Ctenophore *Bolinopsis mikado*.

渡邊 寛 沖縄科学技術大学院大学進化神経生物学ユニット

25NIBB429 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 藤田医科大学医科学研究センター

25NIBB430 ニューロンゲノムのロバストネス機構の解明

勝山 裕 滋賀医科大学医学部

25NIBB431 アーバスキュラー菌根菌の絶対共生性と根粒形成の全身制御の解明に向けたメタボローム解析

川口 正代司 基礎生物学研究所進化多様性生物学領域

25NIBB432 雌性発生魚 Amazon molly の scRNA-seq による生殖様式多様化機構の解明

菊地 真理子 名古屋大学大学院理学研究科

25NIBB433 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

25NIBB434 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

25NIBB435 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

25NIBB436 磯焼け改善のためのアマモ (*Zostera marina* L.) のゲノム情報基盤整備

本橋 令子 静岡大学学術院農学領域

25NIBB437 ネットアイツメガエル近交系の表現型多型の QTL 解析

鈴木 誠 広島大学両生類研究センター

25NIBB438 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科 生物科学部門

25NIBB439 エダアシクラゲのメタボローム・ペプチドーム解析から紐解く食欲調節機構の進化

谷本 拓 東北大学大学院生命科学研究科

25NIBB440 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

25NIBB441 多機能性遺伝子がもたらす新規ニッチへの進出能力の分子遺伝機構の解明

石川 麻乃 東京大学大学院新領域創成科学研究科

25NIBB442 虫こぶ形成昆虫が産生する植物ホルモンの局在と寄主植物輸送の可視化解析

土田 努 富山大学学術研究部理学系

25NIBB443 ナミテントウ・キチョウ・ゾウムシの種内多型のゲノムワイド連関解析

安藤 俊哉 京都大学白眉センター/農学研究科

25NIBB444 難分解性有機物の資化に関わる微生物分泌タンパク質の探索

金井 雅武 東京農業大学生命科学部

25NIBB445 海産有用甲殻類の脱皮を制御する内分泌機構の解明

筒井 直昭 三重大学大学院生物資源学研究科

25NIBB446 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

25NIBB447 異なる温度環境における赤潮藻類の遺伝子発現解析

矢野 諒子 水産研究・教育機構水産技術研究所環境応用部門環境保全部

25NIBB448 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 基礎生物学的研究所生殖細胞研究部門

25NIBB449 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 京都大学大学院農学研究科

25NIBB450 スギの Genomic landscape の解明

今井 亮介 森林総合研究所森林総合研究所

25NIBB451 ケミカルゲノミクス情報を活用した疾患関連データベースの構築

山西 芳裕 名古屋大学大学院情報学研究科

25NIBB452 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

25NIBB454 食虫植物ハエトリソウとモウセンゴケにおけるゲノム解析およびトランスクリプトーム解析

長谷部 光泰 基礎生物学的研究所生物進化研究部門

25NIBB455 Multi-level toxicity assessment of tire and wear particles (TWPs) on rice field ecosystems

テイ シャク 東京科学大学環境社会理工学院

25NIBB456 ヒトと霊長類の脳における完全長シングルセル遺伝子発現解析

郷 康広 生命創成探究センター認知ゲノム研究グループ

- 25NIBB457 オーソログ分類パイプラインの再利用性を高めるワークフロー化
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
- 25NIBB458 ユビキチンリガーゼに着目した生体機能の解析
金子 雅幸 長崎大学大学院医歯薬学総合研究科 創薬薬理学
- 25NIBB459 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 武蔵大学リベラルアーツアンドサイエンス教育センター学部
- 25NIBB460 野蚕の T2T genome assembly 構築の試み
李 允求 学習院大学理学部
- 25NIBB461 空間メタボローム解析による盗葉緑体現象関連小分子の探索
前田 太郎 慶應大学先端生命科学研究所
- 25NIBB462 行動進化を理解するためのショウジョウバエの全脳シングルセルトランスクリプトーム種間比較
石川 由希 名古屋大学大学院理学研究科
- 25NIBB463 キイロショウジョウバエの飢餓耐性遺伝に関する超階層的解析
田中 暢明 北海道大学理学研究院
- 25NIBB464 シロイヌナズナの長期高温ストレス応答に関する研究
太治 輝昭 東京農業大学生命科学部バイオサイエンス学科
- 25NIBB465 中間宿主をターゲットとした感染症のゲノム研究
黒田 玲子 中部大学先端研究センター
- 25NIBB466 カブトクラゲ YAP 遺伝子の機能解析
浅岡 洋一 山口大学大学院医学系研究科
- 25NIBB467 植物の水分ストレス組織間ネットワークの解明
黒森 崇 岡山大学研究・イノベーション共創機構附属自然生命科学研究支援センター

25NIBB468 日本産トウガラシ品種の乾燥ストレス耐性評価

伊藤 秀臣 北海道大学理学研究院

25NIBB469 脊椎動物ボディプランの細胞構成と進化的保存に寄与する内部ネットワーク
解明

入江 直樹 総合研究大学院大学統合進化科学研究センター

25NIBB470 高分解能を備えた新規変異率測定法の開発

竹本 訓彦 国立国際医療研究センター感染症制御研究部

25NIBB471 蚊唾液中のシアロルフィンの検出

富永 真琴 名古屋市立大学なごや先端研究開発センター温度生物学研究室

25NIBB472 TurboID 法による MIZ1 の細胞内動態変化制御を司るタンパク質の同定と機能解析

宮沢 豊 山形大学理学部

25NIBB473 作物における乾燥ストレス応答ネットワークの統合オミクス解析

藤田 泰成 国際農林水産業研究センター (JIRCAS) 食料プログラム

25NIBB474 アサガオの青い花色の形成機構

星野 敦 基礎生物学研究所分野横断研究ユニット

25NIBB475 低温プラズマ処理による植物ゲノムのエピジェネティック変化の解析

梅根 一夫 基礎生物学研究所 IBBP センター

25NIBB476 イモリにおけるミトコンドリア代謝変化の質量分析イメージングによる解析

林 利憲 広島大学両生類研究センター

25NIBB477 低温により植物が著しい形態変化を引き起こすメカニズムの解明

高橋 大輔 埼玉大学大学院理工学研究科

25NIBB478 空間メタボロミクス関連技術の開発と応用

杉山 栄二 名城大学薬学部

25NIBB479 植物のオルガネラ機能発現・維持機構の解明

上田 貴志 基礎生物学研究所細胞動態研究部門

25NIBB480 ディアフォリン曝露に伴う大腸菌の代謝応答プロファイル解析

中鉢 淳 豊橋技術科学大学先端農業・バイオリサーチセンター

25NIBB481 Analysis of *Helicobacter pylori* synteny

Kirill Kryukov National Institute of Genetics Bioinformation and DDBJ Center

25NIBB482 魚類の凝固系・免疫系の相互作用、血中タンパクダイナミクスの解明

長澤 貴宏 九州大学大学院農学研究院

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-04-30
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 下島 優香子 所属機関 (Institute) 東洋大学 電話 (Phone no.)	部局 (Department) 食環境科学部 FAX (FAX no.)	職 (Job Title) 准教授 E-Mail
1. 種別 / Category	統合ゲノミクス共同利用研究 / Collaborative research projects for integrative genomics		
2. 課題番号 / Project number	25NIBB401		
3. 研究課題名 / Research Project Title	食品製造環境、と畜場・食鳥処理場環境におけるListeria monocytogenesの菌型解析および保有遺伝子の網羅的解析		
4. 所内対応者 / Host Reseacher	重信 秀治		
5. 共同利用研究者(敬称略)	・ 山口 勝司：基礎生物学研究所トランスオミクス解析室 主任研究員 ・ 頼本 隼汰：筑波大学生存ダイナミクス研究センター 助教 ・ 鈴木 みゆず：基礎生物学研究所進化ゲノミクス研究室 技術支援員		
6. 研究成果の概要及び今後の展望 / Outline of research results and future prospects	食用昆虫41検体の細菌検査を行った。そのうち検体を冷凍保存している40検体を対象に、16SrRNA菌叢解析を試みた。昆虫検体からDNAを抽出について、マルチビーズショッカーで粉碎後、Nucleospin DNA Insectで抽出作業を行ったが、良好に抽出ができない検体が散見された。そのため、DNA Blood and tissue kitで抽出を行い、抽出DNAを得た。その後、16S rRNA菌叢解析用のプライマーおよび昆虫種同定用のプライマーを用いてライブラリ調整を行ったが、双方ともに良好にライブラリが調整できない検体が散見された。MiSeqによるRunおよび解析を行ったが、シーケンスの時点でリード数が著しく少ないまたは全く読まれていないサンプルが存在するという結果となった。また、Quality filteringの段階で多くのリードが失われたサンプルが複数あった。ライブラリの作り直し、シーケンスの読み足しが必要である。 Listeria monocytogenesについては、3年前に環境モニタリングを行った食品製造施設で再びモニタリングを行い、菌株を得た。3年にわたり環境に定着するかの検証のため、それらの株を含めた食品製造環境由来株を対象に全ゲノム解析を行う予定である。		

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-04-02
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 松波 雅俊 所属機関 (Institute) 琉球大学 電話 (Phone no.)	部局 (Department) 大学院医学研究科 FAX (FAX no.)	職 (Job Title) 助教 E-Mail
--	--	--	-------------------------------

1. 種別 / Category	統合ゲノミクス共同利用研究 / Collaborative research projects for integrative genomics
2. 課題番号 / Project number	25NIBB402
3. 研究課題名 / Research Project Title	新規モデル生物イベリアトゲイモリのゲノム情報整備
4. 所内対応者 / Host Researcher	内山 郁夫
5. 共同利用研究者(敬称略)	鈴木 賢一：基礎生物学研究所 特任准教授 鈴木 美有紀：California Institute of Technology 日本学術振興会海外特別研究員 奥村 晃成：兵庫県立大学 研究員 林 利憲：広島大学 教授 福井 彰雅：中央大学 教授
6. 研究成果の概要及び今後の展望 / Outline of research results and future prospects	従来のショーリードシーケンサーでは、20Gbを超えるイモリの巨大ゲノムを解読することは困難であったが、ロングリードシーケンサーSequelによるHiFiリードを利用することで、このような巨大ゲノムの解読が可能となった。申請者らの研究グループは、繰り返し配列に富むイモリの巨大ゲノムのシーケンスとアセンブリを行い、2025年度にドラフトゲノム配列を学術論文として発表した（Kimura et al. 2025）。今後は、新たに取得した2組織のHi-Cデータおよび30以上のサンプルからのIso-seqデータを用いて、染色体規模のゲノム復元とUTRを含めた遺伝子全長の高精度アノテーションを進める予定である。

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-04-28
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 辻 雅弘 所属機関 (Institute) 京都女子大学 電話 (Phone no.)	部局 (Department) 家政学部食物栄養学科 FAX (FAX no.)	職 (Job Title) 教授 E-Mail
--	---	--	-------------------------------

1. 種別 / Category	統合ゲノミクス共同利用研究 / Collaborative research projects for integrative genomics
2. 課題番号 / Project number	25NIBB403
3. 研究課題名 / Research Project Title	イメージング質量分析を利用したラットの脳内神経伝達物質の分布解析
4. 所内対応者 / Host Researcher	吉田 拓也
5. 共同利用研究者(敬称略)	藤井 律子： 大阪公立大学 人工光合成研究センター 准教授 下中 智美： 大阪公立大学 研究推進課 技術職員 森 友子： 基礎生物学研究所 トランスオミクス解析室 技術職員 牧野 由美子： 基礎生物学研究所 トランスオミクス解析室 技術職員 石川 愛花 京都女子大学 食物栄養学科 大学院生 赤井 このみ 京都女子大学 食物栄養学科 大学院生
6. 研究成果の概要及び今後の展望 / Outline of research results and future prospects	注意欠如多動性障害や自閉症スペクトラム障害等の発達障害を高率に來す低出生体重児のモデルとして独自に開発した子宮内低灌流—低出生体重モデルラットは、多動や社会性低下を示した。そこで我々は、イメージング質量分析を用いて各個体の症状と脳内の神経伝達物質の変化を紐付ける事を目的とする。この手法の導入には、凍結切片の作成、マトリクス塗布、誘導体化試薬の塗布といった煩雑な前処理が必要であり、また、物質同定を可能とする高分解能を保ちつつ、脳内の小部位への特異的蓄積を議論するための高い空間分解能が必要という二律背反の命題があるため、詳細な事前の条件検討が求められる。 本研究目的を達成するために適切な前処理および測定条件を探索し、様々な薬剤治療の結果を評価することが可能なイメージング質量分析体制を整えることを2025年度は目指した。ラットの脳の凍結切片について、神経伝達物質5種類の局在を十分な分解能と再現性で検出できる実験条件を決定し、モデルラットと対照ラットにおいて測定を行うことを目標とし、すでに我々にある技術やノウハウを踏まえつつ、新たな装置を用いてよりよい実験条件を検討しているところである。 具体的な検討課題として、(1) マトリクス塗布条件と、(2) 測定条件の探索を行っている。2025年度は、モデルラットを作製する京都女子大学の研究者とイメージング質量分析を行う大阪公立大学の研究者との日程調整が可能な日がかかなり限定されており、実際に基礎生物学研究所へ來所し条件検討を行う機会が少ない、現時点ではいずれの条件もまだ決定はできていない。2026年3月にモデル作製し、4月には基礎生物学研究所へ來所し条件検討を行っており、2026年度早々には上記2点に関する条件を確定し、本格的にモデルラットと対照ラットにおいて測定を行い、イメージング質量分析画像および定量データを取得する計画である。

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-04-02
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 藤森 俊彦 所属機関 (Institute) 基礎生物学研究所 電話 (Phone no.)	部局 (Department) 初期発生研究部門 FAX (FAX no.)	職 (Job Title) 教授 E-Mail
--	--	--	-------------------------------

1. 種別 / Category	統合ゲノミクス共同利用研究 / Collaborative research projects for integrative genomics
2. 課題番号 / Project number	25NIBB404
3. 研究課題名 / Research Project Title	質量分析によるマウス胚―子宮相互作用の時空間プロファイリング
4. 所内対応者 / Host Researcher	吉田 拓也
5. 共同利用研究者(敬称略)	木下典行：基礎生物学研究所 准教授 堤久晃：総合研究大学院大学 大学院 森友子：基礎生物学研究所 技術職員 牧野由美子：基礎生物学研究所 技術職員
6. 研究成果の概要及び今後の展望 / Outline of research results and future prospects	マウス胚の着床過程において、胚と子宮内膜の相互認識は着床の成否を決める極めて重要なステップである。特に、子宮が胚を受け入れ可能となる「着床ウィンドウ」の開閉制御メカニズムには不明な点が多く、その分子機構の解明が待たれている。本研究では、胚と直接接触する子宮内腔上皮のアピカル表面に着目した。着床ウィンドウの開閉に伴い、表面タンパク質プロファイルがダイナミックに変化するという仮説を立て、質量分析を用いた網羅的比較解析により、胚認識および着床受容能を司る責任分子の同定を目的とした。 (1) 2025年度の研究成果 本年度は、微量かつ採取が困難な子宮内腔上皮のアピカル表面タンパク質を、高精度に回収・同定するためのプロトコル構築に注力した。具体的には以下の条件検討を実施し、解析系の最適化を図った。 ・ ビオチン化試薬の選定： タンパク質回収効率を最大化するため、sulfo-NHS-biotin と sulfo-SS-NHS-biotin を比較検討し、後続の精製ステップに適した試薬を決定した。 ・ 局所標識法の最適化： 非特異的な標識を最小限に抑え、アピカル表面のみを特異的にラベル化するための方法を再検討した。 ・ 精製効率の改善： 回収効率の向上を目指し、Streptavidin と Tamavidin ビーズを用いた比較検証を行い、微量サンプルからの精製に最適な担体を選定した。 以上の検討により、夾雑物を抑えつつ上皮表面タンパク質を高効率に同定する基盤技術を確認した。これは、次年度以降の網羅的比較解析を完遂するための重要な進展である。 今後の展望 確立した手法を用い、着床ウィンドウが開いた受精4日目と、未だ閉鎖している時期の子宮サンプルについて、内腔上皮アピカル表面タンパク質の網羅的比較解析を実施する。得られた候補分子については、免疫染色や機能阻害実験等を通じて、着床における機能的意義を検証する予定である。

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-04-27
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 久保 健雄 所属機関 (Institute) 東京大学 電話 (Phone no.)	部局 (Department) 大学院理学系研究科 FAX (FAX no.)	職 (Job Title) 教授 E-Mail
--	--	---	-------------------------------

1. 種別 / Category	統合ゲノミクス共同利用研究 / Collaborative research projects for integrative genomics
2. 課題番号 / Project number	25NIBB405
3. 研究課題名 / Research Project Title	社会性行動を司る脳機構とその進化解明に向けたハナバチ類の研究基盤の構築
4. 所内対応者 / Host Researcher	重信 秀治
5. 共同利用研究者(敬称略)	久保健雄：東京大学大学院理学系研究科 教授 河野大輝：東京大学大学院理学系研究科 助教 桑原嵩佳：ニューヨーク大学 医学部 神経科学部門 研究員 学部4年生2名：東京大学理学部生物学科
6. 研究成果の概要及び今後の展望 / Outline of research results and future prospects	本研究は、モデル社会性昆虫であるミツバチやマルハナバチを含むハナバチ類に着目し、異なる社会性段階にある種の詳細な比較研究を行うことで、社会性行動を制御する脳の分子神経基盤やその進化の過程を調べることを目的としている。これまでに、在来の単独性ハナバチであるマメコバチ（<i>Osmia cornifrons</i>）のゲノムのDe novoアセンブリの作成、および近縁種の遺伝子情報やマメコバチの成虫（雌雄）の様々な組織や幼虫と蛹の全身のRNA-seqデータを基に遺伝子アノテーションを行い、マメコバチのゲノム研究基盤を整備した。さらに、マメコバチ成虫の脳のキノコ体（脳高次中枢）のscRNA-seq解析を行い、既に取得済みであったミツバチ、マルハナバチのキノコ体のscRNA-seqデータとの比較解析を行った。その結果、キノコ体を構成するケニヨン細胞（介在神経細胞）種には種間で差異がある可能性が示唆され、ミツバチ（社会性であり、ダンスコミュニケーション能力を有する）とマルハナバチ（社会性）、マメコバチ（単独性）のそれぞれの種に選択的に存在するケニヨン細胞種の候補を同定した。 今年度は、ミツバチ固有なケニヨン細胞種候補のキノコ体内における局在を、複数のマーカー遺伝子のin situハイブリダイゼーション法により明らかにした。2026年度は、ドライ解析により検出されたミツバチ固有なケニヨン細胞種候補が、マルハナバチやマメコバチには存在しないかを、各種の脳におけるマーカー遺伝子ホモログの発現解析により調べ、得られた成果を論文発表する。

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-04-29
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 新美 輝幸 所属機関 (Institute) 基礎生物学研究所 電話 (Phone no.)	部局 (Department) 進化発生研究部門 FAX (FAX no.)	職 (Job Title) 教授 E-Mail
--	--	--	-------------------------------

1. 種別 / Category	統合ゲノミクス共同利用研究 / Collaborative research projects for integrative genomics
2. 課題番号 / Project number	25NIBB406
3. 研究課題名 / Research Project Title	昆虫新奇形質の形成メカニズムの解明
4. 所内対応者 / Host Reseacher	重信 秀治
5. 共同利用研究者(敬称略)	・ 中村太郎：基礎生物学研究所進化発生研究部門 助教 ・ 森田慎一：基礎生物学研究所進化発生研究部門 助教 ・ 松岡佑児：基礎生物学研究所進化発生研究部門 特任助教 ・ 山口勝司：基礎生物学研究所トランスオミクス解析室 技術職員 ・ 森友子：基礎生物学研究所トランスオミクス解析室 技術職員
6. 研究成果の概要及び今後の展望 / Outline of research results and future prospects	生物で広く見られる擬態斑紋の形成機構と進化過程の理解の研究のため、ナミtentウに擬態した斑紋をもつヘリグロtentウノミハムシに着目した。擬態斑紋に関する知見を得るための実験手法について打合せを行った。

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-04-28
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 丹羽 隆介 所属機関 (Institute) 筑波大学 電話 (Phone no.)	部局 (Department) 生存ダイナミクス研究センター FAX (FAX no.)	職 (Job Title) 教授 E-Mail
--	--	--	-------------------------------

1. 種別 / Category	統合ゲノミクス共同利用研究 / Collaborative research projects for integrative genomics
2. 課題番号 / Project number	25NIBB407
3. 研究課題名 / Research Project Title	ショウジョウバエを宿主とする内部寄生蜂Asobara属の毒タンパク質の比較ゲノミクス解析
4. 所内対応者 / Host Researcher	重信 秀治
5. 共同利用研究者(敬称略)	・島田 裕子：筑波大学 生存ダイナミクス研究センター 准教授 / Yuko Shimada-Niwa: University of Tsukuba, Life Science Center for Survival Dynamics, TARA, associate professor ・上山 拓己：筑波大学 生存ダイナミクス研究センター 助教 / Takumi Kamiyama: University of Tsukuba, Life Science Center for Survival Dynamics, TARA, assistant professor ・頼本 隼汰：筑波大学 生存ダイナミクス研究センター 助教 / Takumi Kamiyama: University of Tsukuba, Life Science Center for Survival Dynamics, TARA, assistant professor ・近藤 颯人：筑波大学 理工情報生命学院 大学院生 / Hayato Kondo: University of Tsukuba, Graduate School of Science and Technolog, graduate student ・Staroverova Anastasiia：筑波大学 ヒューマニクス学位プログラム 大学院生 / Anastasiia Staroverova: University of Tsukuba, Ph.D. Program in Humanics, graduate student
6. 研究成果の概要及び今後の展望 / Outline of research results and future prospects	本研究では、ショウジョウバエを宿主とする内部寄生蜂Asobara属の比較ゲノミクス解析を実施し、寄生蜂が産生する毒成分の多様性と宿主選択性の関連を解明することを目指した。報告者らは、ショウジョウバエ属の多くの種に対してして高い寄生成功率を示すAsobara japonicaに着目し、全ゲノム配列の決定と遺伝子ノックダウン法の開発を行ってきた（Kamiyama et al. DNA Researc 2022）。さらに、A. japonica の寄生成立に必要な毒遺伝子の同定にも成功した（Kamiyama et al. Science Advances 2025）。これらの研究をさらに発展させるために報告者らは、A. japonicaとは宿主範囲の異なるAsobara属近縁種との比較ゲノミクス解析により、毒成分の多様性と宿主選択性の関連を追究できると着想した。 我々は、2024～2025年度に引き続き、特に A. rossica の全ゲノム配列データの構築と遺伝子予測に注力した。従来に引き続き、ゲノム配列の質を高めるために、これらの寄生蜂の複数の個体を用いるのではなく、ごく少数の個体からDNAを抽出する方法による全ゲノム決定を目指した。非常に小さな試料サイズの数少ない個体から全ゲノム配列を決定する必要があるため、安定した結果を得るには困難が多かったが、最終的にはN50が5MB, BUSCO score 98% のゲノム情報を得て、その後に遺伝子アノテーション情報（gene model 2）の整備に成功した。また、これらの情報をもとに、毒腺での遺伝子発現解析や RNAi 法の開発にも着手し、一部の毒腺高発現遺伝子の同定およびそのノックダウンに成功した。 また、今回得られた A. rossica のゲノム情報を元に、A. japonica ゲノムとの比較解析を進めた。次年度以降も継続する予定である。

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-04-28
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 後藤 晋 所属機関 (Institute) 東京大学 電話 (Phone no.)	部局 (Department) 大学院農学生命科学研究科 FAX (FAX no.)	職 (Job Title) 准教授 E-Mail
--	---	--	--------------------------------

1. 種別 / Category	統合ゲノミクス共同利用研究 / Collaborative research projects for integrative genomics
2. 課題番号 / Project number	25NIBB408
3. 研究課題名 / Research Project Title	局所適応のモデルとなりうるマツ科針葉樹トドマツ（ <i>Abies sachalinensis</i> ）のゲノム解読
4. 所内対応者 / Host Researcher	重信 秀治
5. 共同利用研究者(敬称略)	北村 系子：森林総合研究所北海道支所 主任研究員 石塚 航：北海道総合研究機構 主任研究員 蔡 昕傑：東京大学大学院農学生命科学研究科 博士2年生 山口 勝司：トランスオミクス解析室 主任技術員
6. 研究成果の概要及び今後の展望 / Outline of research results and future prospects	2025年度は、トドマツ全ゲノム解読に向けて、HiFiシーケンス、Hi-CデータおよびRNA-seqデータを用いたハプロタイプ分離型染色体レベルゲノムアセンブリを進めた。トドマツを含むマツ科針葉樹のゲノムは巨大で反復配列を多く含み、かつヘテロ接合性が高いため、通常のゲノムアセンブリでは相同染色体間の配列差や構造変異を正確に分離することが難しい。そのため、本研究ではHifiasm、HapHiC、Juicebox等を用いて、2つのハプロタイプを分離した染色体レベルのゲノム構築を行った。解析には、HiFiリード約654 Gbp、Hi-Cデータ約472 Gbp、RNA-seqデータ約1465 Gbpを用いた。その結果、HapAは15.91 Gbp、HapBは15.78 Gbpのゲノムサイズとして構築され、各ハプロタイプにおいて染色体レベルの高い連続性をもつアセンブリを得ることができた。Scaffold N50はHapAで1.35 Gbp、HapBで1.34 Gbpであり、トドマツのような巨大ゲノムをもつ針葉樹において、全ゲノム解読に必要な基盤データを整備することができた。また、BUSCO解析により、両ハプロタイプともComplete BUSCOsが90.5%であることが示され、ゲノムアセンブリの完全性も高いことが確認された。さらに、RNA-seqデータを活用して遺伝子注釈を行った結果、HapAで46,145個、HapBで46,116個の完全なタンパク質コード遺伝子を予測した。また、EDTAを用いた反復配列解析により、トドマツゲノムの約83%が反復配列から構成されることが明らかとなった。

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-04-28
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 前島 正義 所属機関 (Institute) 中部大学 電話 (Phone no.)	部局 (Department) 応用生物学部 FAX (FAX no.)	職 (Job Title) 教授 E-Mail
--	--	--	-------------------------------

1. 種別 / Category	統合ゲノミクス共同利用研究 / Collaborative research projects for integrative genomics
2. 課題番号 / Project number	25NIBB409
3. 研究課題名 / Research Project Title	ウチワサボテンのゲノム解析
4. 所内対応者 / Host Researcher	重信 秀治
5. 共同利用研究者(敬称略)	前島 正義：中部大学 学長 / Masayoshi MAESHIMA 重信 秀治：基礎生物学研究所 教授 / SHIGENOBU Shuji 鈴木 孝征：中部大学応用生物学部 教授 / SUZUKI Takamasa 山口 勝司：基礎生物学研究所 主任技術員 / YAMAGUCHI Katsushi
6. 研究成果の概要及び今後の展望 / Outline of research results and future prospects	ウチワサボテン（Nopalea cochenillifera）から高品質なDNAを抽出し、PacBioにてシーケンスを行った。得られたデータをhifiasmでアセンブルし、900Mbp弱のゲノムシーケンスを得た。得られたゲノムの配列に対し、RNA-Seqのリードをあてたところ、RNAを抽出した組織によって差があるが、30から50%程度がマップされた。今後RNA-Seqのデータを用いて、Braker3によるアノテーション(遺伝子同定)を進めていく。

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-04-29
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 高木 豪 所属機関 (Institute) 愛知県医療療育総合センター 電話 (Phone no.)	部局 (Department) 発達障害研究所 FAX (FAX no.)	職 (Job Title) 主任研究員 E-Mail
--	--	---	----------------------------------

1. 種別 / Category	統合ゲノミクス共同利用研究 / Collaborative research projects for integrative genomics
2. 課題番号 / Project number	25NIBB410
3. 研究課題名 / Research Project Title	Homeostatic plasticityの制御機構の解明
4. 所内対応者 / Host Researcher	重信 秀治
5. 共同利用研究者(敬称略)	該当なし
6. 研究成果の概要及び今後の展望 / Outline of research results and future prospects	Synaptic scaling upのプロセスに異常を示す転写因子Zeb2について、scaling up誘導時の遺伝子発現変化をRNA-seqにより解析した。本年度の解析により、Zeb2変異初代ニューロンにおいて発現変動を示す遺伝子群を同定した。さらに、シナプス可塑性の制御に関与する複数の遺伝子において、スプライシングパターンの変化が認められた。scaling upに関与する転写因子の変異がスプライシング変化を引き起こす機構の解明は、Zeb2の機能理解において重要であると考えられる。来年度は、Zeb2とシナプス可塑性関連遺伝子のスプライシング制御との関係に着目し、scaling upにおけるZeb2の役割の包括的理解を目指す。

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-04-30
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 竹内 秀明 所属機関 (Institute) 東北大学 電話 (Phone no.)	部局 (Department) 大学院生命科学研究科 FAX (FAX no.)	職 (Job Title) 教授 E-Mail
--	--	--	-------------------------------

1. 種別 / Category	統合ゲノミクス共同利用研究 / Collaborative research projects for integrative genomics
2. 課題番号 / Project number	25NIBB411
3. 研究課題名 / Research Project Title	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
4. 所内対応者 / Host Researcher	重信 秀治
5. 共同利用研究者(敬称略)	・ 竹内 秀明：東北大学大学院生命科学研究科 教授 / Hideaki Takeuchi: Tohoku University, Graduate School of Life Sciences, Professor ・ 重信 秀治：基礎生物学研究所 超階層生物学センター 教授 / Shuji Shigenobu: National Institute for Basic Biology, Trans-Scale Biology Center, Professor ・ 大久保 範聡：東京大学大学院農学生命科学研究科 教授 / Noriaki Okubo: The University of Tokyo, Graduate School of Agricultural and Life Sciences, Professor ・ 梶山 十和子：東北大学大学院生命科学研究科 助教 / Towako Kajiyama: Tohoku University, Graduate School of Life Sciences, Assistant Professor ・ 安斎 貴：岡山大学理学部附属臨海実験所 教授 / Takashi Anzai: Okayama University, Marine Biological Laboratory, Faculty of Science, Professor ・ 竹内 秀明：東北大学大学院生命科学研究科 教授 / Hideaki Takeuchi: Tohoku University, Graduate School of Life Sciences, Professor
6. 研究成果の概要及び今後の展望 / Outline of research results and future prospects	本年度は、求愛行動後のメダカ属3種（ミナミメダカ、ウォウオラエメダカ、セレベスメダカ）の脳を対象にシングルセルRNAシーケンス（scRNA-seq）を実施し、オスの性行動時に活性化した神経細胞を最初期遺伝子（IEG）発現に基づいて同定した。その結果、種間で共通して活性化される性行動ゲート候補細胞型（hmx2陽性GABA細胞）を同定するとともに、種特異的に活動する複数の興奮性ニューロン集団（tshz1+, adam8a+, rbpm5+細胞）を候補細胞型として見出した。これらの細胞型は、細胞数および活動状態の両面で種差を示し、求愛様式の違いを生み出す回路要素である可能性が高い。さらに、同一種内における雌雄比較解析からも性差を示す細胞型群を同定しており、種差と性差を統合的に理解するための基盤データが得られている。加えて、tshz1陽性細胞を遺伝的に特異的に標識可能なノックイン系統の作製にも成功しており、特定細胞型の可視化および操作を可能とする基盤技術を確認した。この系統は、種（日本メダカ）特異的な候補細胞型の機能検証および回路解析を進める上で重要なリソースとなる。今後は、これらの候補細胞型のマーカー遺伝子を利用し、細胞型特異的なカルシウムイメージングおよび光遺伝学的操作によって神経活動を制御・記録することで、求愛行動における各細胞型の機能的役割を因果的に解明していく。

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-05-18
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 杉本 慶子 所属機関 (Institute) 理化学研究所 電話 (Phone no.)	部局 (Department) 環境資源科学研究センター FAX (FAX no.)	職 (Job Title) チームリーダー E-Mail
--	--	--	------------------------------------

1. 種別 / Category	統合ゲノミクス共同利用研究 / Collaborative research projects for integrative genomics
2. 課題番号 / Project number	25NIBB412
3. 研究課題名 / Research Project Title	アブラムシによるゴール形成機構の解明
4. 所内対応者 / Host Researcher	重信 秀治
5. 共同利用研究者(敬称略)	・野崎友成：基礎生物学研究所 進化ゲノミクス 助教 ・山口勝司：基礎生物学研究所 トランスオミクス解析室 主任技術員 ・河村彩子：理化学研究所 環境資源科学研究センター テクニカルスタッフ
6. 研究成果の概要及び今後の 展望 / Outline of research results and future prospects	アブラムシやタマバエ、タマバチなど一部の昆虫は植物にゴール（虫こぶ）と呼ばれる組織を作って寄生する。ゴール形成は虫が作り出す何らかのシグナルが植物細胞に注入され、分化転換を起こすことによって誘導されると考えられるが、その具体的な仕組みは分かっていない。本研究ではツリフネソウ科キツリフネにゴールを形成するツリフネソウコブアブラムシとツリフネソウにゴールを形成するハウセンカコブアブラムシを新たなモデル実験系として確立し、ゲノム編集を用いた機能解明を進めることを計画している。今年度は重信研究室においてツリフネソウコブアブラムシのゲノムシーケンス及びRNAseq解析を行って頂いた。また、Hi-C解析に着手して頂いた。理研の研究室においてはキツリフネにツリフネソウコブアブラムシを付与することでゴール形成を誘導する実験系を立ち上げることに成功した。

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-04-28
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 田中 克典 所属機関 (Institute) 関西学院大学 電話 (Phone no.)	部局 (Department) 生命環境学部 生物科学科 FAX (FAX no.)	職 (Job Title) 教授 E-Mail
--	--	--	-------------------------------

1. 種別 / Category	統合ゲノミクス共同利用研究 / Collaborative research projects for integrative genomics
2. 課題番号 / Project number	25NIBB413
3. 研究課題名 / Research Project Title	真核生物の染色体が線状であることの生物学的意義の解明
4. 所内対応者 / Host Researcher	重信 秀治
5. 共同利用研究者(敬称略)	・ 田中克典：関西学院大学生命環境学部 教授 ・ 山口勝司：基礎生物学研究所 主任技術員 ・ 中山潤一：基礎生物学研究所 教授 ・ 川上 慶：島根大学医学部 助教 ・ 小川志帆：関西学院大学生命環境学部 講師
6. 研究成果の概要及び今後の展望 / Outline of research results and future prospects	原核生物は環状の染色体を持つのに対し、真核生物の染色体は線状である。この顕著な違いは、生命進化における重要な謎のひとつである。とりわけ、真核生物がなぜ線状染色体を採用したのかという問いには、減数分裂（有性生殖）への適応という仮説があるが、栄養増殖期における線状染色体の意義については未解明の部分が多い。 分裂酵母は3本の染色体しか持たないため、各染色体を自己環状化させた株を比較的容易に樹立できる。環状染色体細胞は、減数分裂過程において異常を示す一方、栄養増殖期には生育に大きな障害を示さないことから、栄養増殖期における線状染色体の必然性は依然として不明である。 申請者は、テロメア因子を保持したまま染色体を環状化する新たな方法を確立し、この課題を克服した。その結果、染色体の環状化が細胞に未知のストレスを与えること、そして環状染色体細胞では遺伝子発現に多様性が生じることを見出した。 本研究では、①環状染色体細胞に共通して誘導されるストレスとその応答機構の解明、②テロメア近傍遺伝子に多様な発現パターンが生じる原因の究明、を主な目的としている。①を通じて、栄養増殖期における線状染色体の生物学的意義に迫るとともに、②からはテロメアの消失が引き起こすゲノム不安定性と、それに伴う細胞間の遺伝子発現の多様性についての理解が深まると期待される。 この研究の進展には、環状化株における各染色体の連結様式の詳細な把握が不可欠である。特に、染色体末端にはサブテロメア配列、テロメア配列、rDNAリビートなどの繰り返し配列が多く含まれており、ショートリードシーケンスでは解析が困難である。そのため本研究により、Nanoporeシーケンスを用いて、長鎖リードによる連結部位の同定を行った。今年度は、すでにNanoporeシーケンス済みの線状染色体株および環状化株のゲノム情報を解析し、1番染色体および2番染色体の環状化における連結部位の構造を特定することに成功した。

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-05-15
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 加藤 君子 所属機関 (Institute) 愛知県医療療育総合センター 電話 (Phone no.)	部局 (Department) 発達障害研究所 FAX (FAX no.)	職 (Job Title) 研究員 E-Mail
--	---	---	--------------------------------

1. 種別 / Category	統合ゲノミクス共同利用研究 / Collaborative research projects for integrative genomics
2. 課題番号 / Project number	25NIBB414
3. 研究課題名 / Research Project Title	初期胚発生過程におけるゲノム制御機構の探索
4. 所内対応者 / Host Researcher	内山 郁夫
5. 共同利用研究者(敬称略)	浅井真人：愛知県医療療育総合センター発達障害研究所 部長 西出浩世：基礎生物学研究所 技術係長
6. 研究成果の概要及び今後の 展望 / Outline of research results and future prospects	近年、X染色体不活性化が起こる前の、ヒト着床前胚を模倣したヒトナイーブ型多能性幹細胞の作製方法が複数報告された。これらの細胞は、分化誘導によりランダムXCIが起こるため、in vitroでのヒトXCIの解析が可能である。そこで本研究課題では、この細胞培養系を用いて、skewed XCIが高頻度に生じる分子機序を解明することを目的とした。本研究の成果は、ヒトにおけるXCIの確立機構の理解を深めるのみならず、X連鎖性疾患の病態発症機序の解明や新たな治療法の創出につながると期待できる。申請者らも、ヒト健常人由来iPS細胞から、ナイーブ型多能性幹細胞マーカーを発現する細胞の作製に成功した。そこで、この細胞の性質をさらに詳細に調べるために、RNA-seqを行った。この結果、ヒトの着床前の胚盤胞期胚とよく似た遺伝子発現を示すことが明らかになった。そこで、X染色体不活性化状態を調べるため、Epitypingを実施し、X染色体全体でX染色体上の遺伝子のアレル性発現解析を行った。この結果、今回作製した細胞は2本のX染色体が活性なナイーブ細胞であることが示された。さらに、X染色体上の遺伝子のSNP情報を利用し、個別の遺伝子についてアレル性発現を調べた結果、Epitypingと一致して、2本のX染色体が活性なナイーブ細胞であることが確認された。

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-04-27
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 宮崎 智史 所属機関 (Institute) 玉川大学 電話 (Phone no.)	部局 (Department) 農学部 FAX (FAX no.)	職 (Job Title) 教授 E-Mail
1. 種別 / Category	統合ゲノミクス共同利用研究 / Collaborative research projects for integrative genomics		
2. 課題番号 / Project number	25NIBB415		
3. 研究課題名 / Research Project Title	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		
4. 所内対応者 / Host Researcher	重信 秀治		
5. 共同利用研究者(敬称略)	・ 山口 勝司：基礎生物学研究所 トランスオミクス解析室 主任技術員 ・ 吉田 拓也：基礎生物学研究所 超階層生物学センター 特任准教授 ・ 居橋 勇祐：玉川大学 大学院農学研究科 大学院生 ・ 佐藤 亮太：玉川大学 大学院農学研究科 大学院生 ・ 牧野 由美子：基礎生物学研究所 トランスオミクス解析室 技術職員		
6. 研究成果の概要及び今後の 展望 / Outline of research results and future prospects	これまでに明らかにしたカドフシアリ女王の翅型関連領域と、多型女王間のトランスクリプトームデータの再解析を実施した。6Mbに及ぶ翅型関連領域には1Mb程度の逆位があること、糖代謝に関わる遺伝子やエピジェネティック制御に関わる遺伝子が多くのもっていること、そしてそれらは両女王の成虫で異なる発現をすることもわかった。これらの結果より、この関連領域は翅型決定に関わるスーパーゼーンであると結論づけた。また、先行研究（Mona et al. 2025, CurrBiol）で明らかにされた欧州産のカドフシアリの翅型多型に関連するスーパーゼーン領域と比較したところ、本種のスーパーゼーンは非相同な領域であることがわかった。このことから、翅型多型に関連するスーパーゼーンの進化はカドフシアリ属内で複数起源で生じたことがわかった。以上の結果を今年度中に論文化する。		

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-04-27
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 深田 正紀 所属機関 (Institute) 名古屋大学 電話 (Phone no.)	部局 (Department) 大学院医学系研究科 FAX (FAX no.)	職 (Job Title) 教授 E-Mail
--	---	---	-------------------------------

1. 種別 / Category	統合ゲノミクス共同利用研究 / Collaborative research projects for integrative genomics
2. 課題番号 / Project number	25NIBB416
3. 研究課題名 / Research Project Title	シナプス機能制御因子群のプロテオミクス解析
4. 所内対応者 / Host Researcher	吉田 拓也
5. 共同利用研究者(敬称略)	深田正紀 名古屋大学大学院医学系研究科神経情報薬理学講座 教授 深田優子 名古屋大学大学院医学系研究科分子細胞薬理学講座 准教授 横井紀彦 名古屋大学大学院医学系研究科神経情報薬理学講座 講師 宮崎裕理 名古屋大学大学院医学系研究科神経情報薬理学講座 助教 江川孝彦 名古屋大学大学院医学系研究科神経情報薬理学講座 研究機関研究員 Teh Zhi Hui 名古屋大学大学院医学系研究科神経情報薬理学講座 研究員 清水亮至 名古屋大学大学院医学系研究科頭頸部感覚器外科学講座 大学院生 部 佳琪 名古屋大学大学院医学系研究科神経情報薬理学講座 大学院生 CHEN Sijin 名古屋大学大学院医学系研究科神経情報薬理学講座 大学院生
6. 研究成果の概要及び今後の展望 / Outline of research results and future prospects	記憶や学習といった脳高次機能はシナプス伝達を制御する精密な分子機構によって達成されている。一方、その分子機構の破綻はてんかんや統合失調症といった脳疾患に関連することから、その分子機構の解明は基礎、臨床研究両面に重要となる。我々は、脳の速い興奮性シナプス伝達の大部分を司るAMPA型グルタミン酸受容体（AMPA受容体）の足場タンパク質“PSD-95”の分子制御機構に着目している。PSD-95はシナプス後肥厚部（PSD）に濃縮し、シナプス膜タンパク質をPSDで裏打ち（アンカリング）することで、シナプス伝達やシナプス形成の中核的な役割を果たす。我々はPSD-95がPSDに濃縮するためには、パルミトイル化脂質修飾が必要不可欠であることに着目し、PSD-95のパルミトイル化/脱パルミトイル化酵素群を見出してきた。また、PSD-95に結合するLGI1–ADAM22複合体を見出し、この複合体がPSD-95を含むシナプス間のタンパク質配列（シナプスナノカラム）の形成に重要であること、複合体形成の破綻がてんかんの原因の一つになることを見出した。本研究ではこれらシナプス機能制御因子群の生理機能を明らかにするために、結合タンパク質や基質タンパク質の同定を目指す。これまでもマウス脳からADAM22やLGIファミリータンパク質を免疫沈降した試料を用いて、トランスオミクス解析室の支援の元に共沈降タンパク質の同定を進めてきてきた（PNAS 118, e2022580118, 2021; Cell Rep. 37, 110107, 2021; Cell Rep 43, 113634, 2024）。2025年度はマウス脳におけるPSD-95やPSD-95制御タンパク質への結合タンパク質を網羅的に精製する実験系を構築し、トランスオミクス解析室の支援の下に精製タンパク質の質量分析による同定を進めた。また、我々は神経細胞におけるタンパク質のパルミトイル化状態の変動を検出する実験系を構築し、トランスオミクス解析室による質量分析支援の下で、パルミトーム動態解析を進めた。

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-05-18
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 一柳 健司 所属機関 (Institute) 名古屋大学 電話 (Phone no.)	部局 (Department) 大学院生命農学研究科 FAX (FAX no.)	職 (Job Title) 教授 E-Mail
--	---	--	-------------------------------

1. 種別 / Category	統合ゲノミクス共同利用研究 / Collaborative research projects for integrative genomics
2. 課題番号 / Project number	25NIBB417
3. 研究課題名 / Research Project Title	フジコナカイガラムシのゲノム解析
4. 所内対応者 / Host Researcher	重信 秀治
5. 共同利用研究者(敬称略)	石川 峻遥 : 名古屋大学生命農学研究科 大学院生 / Toshiharu Ishikawa, Nagoya University, Graduate School of Bioagricultural Science, graduate student
6. 研究成果の概要及び今後の展望 / Outline of research results and future prospects	コナカイガラムシ類は、メスの染色体は全てが活性を有する一方オスでは、胚発生の初期に各相同染色体のうち片方の染色体が丸ごとヘテロクロマチン化され、遺伝子が不活性化する。さらにこの時、不活性化される染色体は必ず父親から受け継いだ染色体である。つまり、オスは二倍体でありながら母方由来染色体のみに依存した疑似的な一倍体生物となる。しかしながら、このヘテロクロマチン化の確立および維持をもたらす分子基盤や、父親由来染色体の目印となる分子情報についてはほとんど分かっていない。そもそも、ヘテロクロマチン化と性決定の順序は不明であり、性決定遺伝子も不明である。この染色体制御機構は進化的に独立して生じており、このメカニズムを解明することは生物の多様性創出の理解に繋がる。オスで生じる染色体不活性化機構の全貌を解明するにあたり、詳細なゲノム情報は不可欠である。本研究では、フジコナカイガラムシ（<i>Planococcus kraunhiae</i>）のゲノム配列をほぼT2T状態でアッセンブルすることに成功した。ミトコンドリアや内部共生菌のゲノムも含まれている。ゲノム比較の結果、近縁種のX連鎖遺伝子は5本の染色体に散らばり、同じ染色体にあるという選択圧がなくなったことが示唆された。また、遺伝子発現の雌雄差を同定した。今後、このゲノムデータを用いて、ChIP-seqを含むクロマチン解析を行い、染色体不活性化の分子メカニズムに迫りたい。

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-04-09
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 前川 清人 所属機関 (Institute) 富山大学 電話 (Phone no.)	部局 (Department) 学術研究部理学系 FAX (FAX no.)	職 (Job Title) 准教授 E-Mail
1. 種別 / Category	統合ゲノミクス共同利用研究 / Collaborative research projects for integrative genomics		
2. 課題番号 / Project number	25NIBB418		
3. 研究課題名 / Research Project Title	シロアリにおけるカースト特異的発現遺伝子の進化機構		
4. 所内対応者 / Host Researcher	重信 秀治		
5. 共同利用研究者(敬称略)	・ 山口 勝司：基礎生物学研究所生物機能解析センター 技術職員 ・ 林 良信：慶應義塾大学生物学教室 講師 ・ 藤原 克斗：産業技術総合研究所バイオものづくり研究センター 博士後研究員 ・ 花田 拓巳：富山大学大学院理工学教育部 大学院生 ・ 保坂 樹：富山大学大学院理工学研究科 大学院生		
6. 研究成果の概要及び今後の展望 / Outline of research results and future prospects	主材料として、ネバダオオシロアリ <i>Zootermopsis nevadensis</i>、ヤマトシロアリ <i>Reticulitermes speratus</i>、タカサゴシロアリ <i>Nasutitermes takasagoensis</i> を用いている。2022年度に得たネバダオオシロアリの日本産個体群におけるロングリードのゲノムデータとカースト間のRNA-seqに基づき、重複遺伝子と単一遺伝子をリストアップした。リストアップにはSonicparanoid2を用い、すでにゲノムを報告済みのヤマトシロアリとキゴキブリのデータ (Shigenobu et al., 2022; Hanada et al., 2025) も使用した。Tauスコアを算出して比較したところ、重複遺伝子のTauスコアが有意に大きい (カースト特異的に発現する) ことが明らかになった。さらに、部位別のトランスクリプトーム解析の結果から、発現パターンの性差がネバダオオシロアリとヤマトシロアリで顕著に異なることが明らかになった。この原因は、両者のカースト分化経路の相違が影響すると考えられる。以上の内容をもとに論文をまとめ、共同利用研究の成果として発表した (Fujiwara et al., 2025)。また、ネバダオオシロアリのゲノム情報を用いて、兵隊カースト分化にかかわる化学受容遺伝子の候補を明らかにした結果も、共同利用研究の成果として発表した (Hanada et al., 2025)。 さらに2025年度は、先進ゲノム支援のサポートを得て、カースト分化経路が単純なスギオシロアリ <i>Neotermes sugioi</i> の新規ゲノム解析を実施した。DNA抽出とライブラリ作製は生物機能解析センターで実施して、得られたシーケンスデータのアセンブリは完了した。本種の各カーストの性と部位別のRNA-seqデータも新たに取得し、遺伝子アノテーションを進めているところである。今後、2023年度に得たタカサゴシロアリのデータと共に、重要な重複遺伝子について発現パターンを詳細に調べ、社会行動や社会性の維持に対する役割を明らかにする予定である。 また、シロアリでの新規の重複遺伝子として報告されたペプチド遺伝子 (Shigenobu et al., 2022) について、産物の存在を確かめるための質量分析を実施した。ヤマトシロアリの異なる組織に由来するサンプルで解析した結果、一部のサンプルに産物が含まれる明確な証拠が得られた。今後、発現解析の結果と共に論文化を目指す予定である。		

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-04-30
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 中野 亮平 所属機関 (Institute) 北海道大学	部局 (Department) 理学研究院生物科学部門形態機能学分野	職 (Job Title) 教授
	電話 (Phone no.)	FAX (FAX no.)	E-Mail

1. 種別 / Category	統合ゲノミクス共同利用研究 / Collaborative research projects for integrative genomics
2. 課題番号 / Project number	25NIBB419
3. 研究課題名 / Research Project Title	植物常在性細菌による宿主生理操作を担う因子の探索
4. 所内対応者 / Host Researcher	吉田 拓也
5. 共同利用研究者(敬称略)	島崎智久：北海道大学大学院教育推進機構 / Tomohisa SHIMASAKI: Hokkaido University, Institute for the Advancement of Graduate Education, assistant professor 稲垣裕介：北海道大学理学部 大学院生 / Yusuke INAGAKI: Hokkaido University, Faculty of Science, undergraduate student 重信秀治：基礎生物学研究所 トランスオミクス解析室教授 / Shuji SHIGENOBU: NIBB Trans-Omics Facility, Professor 森友子：基礎生物学研究所 トランスオミクス解析室技術職員/ Tomoko MORI NIBB Trans-Omics Facility, technical staff 牧野由美子：基礎生物学研究所 トランスオミクス解析室技術職員/ Yumiko MAKINO: NIBB Trans-Omics Facility, technical staff
6. 研究成果の概要及び今後の展望 / Outline of research results and future prospects	本年度は、昨年度に実施した予備実験の成果をもとに、植物の免疫応答を操作する活性を担う分子の同定を行った。免疫操作活性をもつ系統ともたない系統をそれぞれ大量培養し、各培養上清を回収したのち、超遠心分離に供することで沈殿画分を得た。この沈殿画分をトリプシンにより消化した後、質量分析を行い、取得済みのゲノム配列情報をもとに、各試料に含まれるタンパク質を網羅的に同定した。さらに、実験に用いた系統および近縁細菌種のゲノム配列の比較からorthologous group (OG) を定義し、OGごとに各サンプルへの含有の有無を判定した。その結果、免疫操作活性をもつ系統から調製した沈殿画分のみ特異的に検出されるOGを複数同定することができた。今後は、同定されたタンパク質を遺伝的に破壊することで活性が失われるかを検証するとともに、活性因子候補タンパク質を発現・精製して生化学的解析を行い、免疫操作活性の分子メカニズムの解明を目指す。

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-04-30
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 森山 実 所属機関 (Institute) 産業技術総合研究所 電話 (Phone no.)	部局 (Department) 生命工学領域 FAX (FAX no.)	職 (Job Title) 主任研究員 E-Mail
--	--	--	----------------------------------

1. 種別 / Category	統合ゲノミクス共同利用研究 / Collaborative research projects for integrative genomics
2. 課題番号 / Project number	25NIBB420
3. 研究課題名 / Research Project Title	昆虫の内部共生微生物に関する研究
4. 所内対応者 / Host Researcher	重信 秀治
5. 共同利用研究者(敬称略)	野田智仁：東京大学大学院 理学系研究科 大学院生/Tomohito Noda: University of Tokyo, Faculty of science, graduate student 野崎友成：基礎生物学研究所、進化ゲノミクス、助教/ Tomonari Nozaki, National Institute for Basic Biology, Evolutionary Genomics, Assistant professor
6. 研究成果の概要及び今後の 展望 / Outline of research results and future prospects	ゴキブリの脂肪体に存在する菌細胞塊のシングルセルRNAseq解析について、重信博士や野崎助教と、結果の共有とディスカッションを行った。また、今後の解析手法等について、助言いただき、論文文化に向けた取りまとめを進めている。また、新たな研究プロジェクトの立ち上げに伴い、ツマグロヨコバイなど新規の研究モデル型についても、シングルセル解析を中心とした共同研究を進めていく上で、詳細な計画等の確認を行った。

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-04-28
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 守野 孔明 所属機関 (Institute) 筑波大学 電話 (Phone no.)	部局 (Department) 生命環境系 FAX (FAX no.)	職 (Job Title) 助教 E-Mail
--	--	---	-------------------------------

1. 種別 / Category	統合ゲノミクス共同利用研究 / Collaborative research projects for integrative genomics
2. 課題番号 / Project number	25NIBB421
3. 研究課題名 / Research Project Title	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
4. 所内対応者 / Host Researcher	重信 秀治
5. 共同利用研究者(敬称略)	N/A
6. 研究成果の概要及び今後の展望 / Outline of research results and future prospects	前年度までに、ナノポアシーケンサーによるシーケンスを行い、得られたリードを用いて NECAT によるアセンブリを実施し、N50 値および BUSCO 網羅性ともに十分な値を得た。さらに、染色体レベルの scaffolding の構築を目指し、Hi-C 法によるシーケンスを行った。 今年度はHi-Cシーケンスを使ったscaffoldingを進め、3月末時点でほぼ染色体レベルのscaffoldが構築できているものの、さらに手法の改善を進めている。 並行して、転写因子群の抽出と機能解析を行った。具体的には、BRAKER2 による遺伝子予測と HMMER による検索を用いて、1300個ほどの転写因子候補遺伝子モデルを抽出した。さらに、全遺伝子について StringTie を用い、10 段階の発生ステージおよび 5 種類の成体器官における発現量を算出した。これと割球ごとのトランスクリプトーム解析を組み合わせることで、約20ほどの転写因子（群）が卵割期にzygoticに、かつ特定の割球で偏って発現していることを明らかにした。これらの多くは系統特異的に拡張した転写因子であった。これらのうち Paired 型 homeobox 遺伝子を中心とする 5 遺伝子について過剰発現解析を行い、幼生期の表現型を各部位のマーカー遺伝子群の発現を指標として評価した。その結果、いずれの遺伝子も発生運命に実際に影響を及ぼすことが示唆された。 今後、Hi-C scaffoldingの改善、およびその後の今年度中の論文投稿を目指し、打ち合わせを密に行なっていく予定である。

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-04-25
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 阿部 玄武 所属機関 (Institute) 鳥取大学 電話 (Phone no.)	部局 (Department) 医学部 FAX (FAX no.)	職 (Job Title) 准教授 E-Mail
1. 種別 / Category	統合ゲノミクス共同利用研究 / Collaborative research projects for integrative genomics		
2. 課題番号 / Project number	25NIBB422		
3. 研究課題名 / Research Project Title	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		
4. 所内対応者 / Host Researcher	重信 秀治		
5. 共同利用研究者(敬称略)	該当なし		
6. 研究成果の概要及び今後の 展望 / Outline of research results and future prospects	カナガシラは、遊離軟条という特殊な胸ヒレ骨格を有しており、大規模な形態進化を研究する上で興味深い対象である。遊離軟条の形成・進化機構を明らかにするため、ゲノム配列の解読と遺伝子アノテーションを進めている。 これまでに、生体筋組織からのゲノムDNA調製および胚組織からのRNA抽出を行い、基礎生物学研究所の重信秀治先生ならびに超階層生物学センター・トランスオミクス解析室の協力のもと、ライブラリ調製とシーケンズ解析を実施した。その結果、ほぼ全遺伝子を網羅する情報が得られ、ゲノム解読も概ね完了している。今後はさらに高精度な遺伝子アノテーションを進める予定である。 本年度は、仔魚を用いた時期特異的トランスクリプトーム解析も計画していたが、昨年度に続き、人工授精に必要な野外採集親魚の確保が十分でなく、解析に必要な仔魚試料を得るには至らなかった。このため、本解析は次年度に継続して実施する。 一方で、ゲノム基盤情報の整備は大きく進展しており、仔魚試料が得られ次第、速やかに発生段階別トランスクリプトーム解析へ移行できる体制が整っている。2026年度は浅虫水族館との連携も含め、仔魚試料の確保を進め、胸ヒレ発生における遊離軟条特異的な遺伝子発現機構の解明を目指す。		

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-04-30
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 新田 梢 所属機関 (Institute) 麻布大学 電話 (Phone no.)	部局 (Department) 生命・環境科学部 FAX (FAX no.)	職 (Job Title) 助教 E-Mail
--	---	--	-------------------------------

1. 種別 / Category	統合ゲノミクス共同利用研究 / Collaborative research projects for integrative genomics
2. 課題番号 / Project number	25NIBB423
3. 研究課題名 / Research Project Title	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
4. 所内対応者 / Host Researcher	重信 秀治
5. 共同利用研究者(敬称略)	・ 矢原 徹一：一般社団法人九州オープンユニバーシティ 理事 / Tetsukazu Yahara: Kyushu Open University, Research director ・ 西山 智明：富山大学学術研究部理工学系 特命准教授 / Tomoaki Nishiyama: University of Toyama, Academic Assembly, School of Science, Specially Appointed Associate Professor ・ 古谷 勝実：麻布大学生命・環境科学部 学部学生 / Katsumi Furuya: Azabu University, School of Life and Environmental Science, undergraduate student
6. 研究成果の概要及び今後の展望 / Outline of research results and future prospects	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。ハマカンゾウとキスゲのゲノムシーケンス情報の整備を継続した。今後、ゲノム配列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比較を行う。

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-04-25
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 豊田 賢治 所属機関 (Institute) 広島大学 電話 (Phone no.)	部局 (Department) 統合生命科学研究科 FAX (FAX no.)	職 (Job Title) 助教 E-Mail
--	--	---	-------------------------------

1. 種別 / Category	統合ゲノミクス共同利用研究 / Collaborative research projects for integrative genomics
2. 課題番号 / Project number	25NIBB424
3. 研究課題名 / Research Project Title	寄生性甲殻類フクロムシ類の比較ゲノム解析
4. 所内対応者 / Host Researcher	重信 秀治
5. 共同利用研究者(敬称略)	・ 重信 秀治 : 基礎生物学研究所 教授 / Shuji Shigenobu: National Institute for Basic Biology, Professor ・ 遊佐 陽一 : 奈良女子大学 教授 / Yoichi Yusa: Nara Womens University, Professor ・ 大平 剛 : 神奈川大学 教授 / Tsuyoshi Ohira: Kanagawa University, Professor ・ 梶本 麻未 : 神奈川大学 博士研究員 / Asami Kajimoto: Kanagawa University, PostDoc ・ 山口 勝司 : 基礎生物学研究所 主任技術員 / Katsushi Yamagichi: National Institute for Basic Biology, Technician
6. 研究成果の概要及び今後の展望 / Outline of research results and future prospects	フサフクロムシのゲノム抽出から解読まで終了し、今年度はゲノムアセンブルと遺伝子領域の予測が実施された。2026年度はこのアノテーションの精度を評価しつつ、本ゲノム情報を用いてフサフクロムシの組織ごとのRNAseqデータの再解析を実施し、これらのデータを合わせて国際誌に投稿する準備を進める。

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-04-25
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 豊田 賢治 所属機関 (Institute) 広島大学 電話 (Phone no.)	部局 (Department) 統合生命科学研究科 FAX (FAX no.)	職 (Job Title) 助教 E-Mail
--	--	---	-------------------------------

1. 種別 / Category	統合ゲノミクス共同利用研究 / Collaborative research projects for integrative genomics
2. 課題番号 / Project number	25NIBB425
3. 研究課題名 / Research Project Title	有用甲殻類の性分化を制御する内分泌動態の解明
4. 所内対応者 / Host Researcher	吉田 拓也
5. 共同利用研究者(敬称略)	・ 森 友子 : 基礎生物学研究所, 技術職員 / Tomoko Mori: National Institute for Basic Biology, technician ・ 角田 啓斗 : 広島大学, M2学生 / Keito Tsunoda: Hiroshima University, M2 student
6. 研究成果の概要及び今後の展望 / Outline of research results and future prospects	カニやエビなどが属する十脚目甲殻類の多くは生涯を通して脱皮を繰り返すのが一般的であるが、ズワイガニ類などのクモガニ上科の仲間は生涯の脱皮回数が決まっている。ズワイガニ類は最終脱皮によって外部形態や行動パターンが変化し生殖可能となる。これまでにLC-MSでズワイガニの体液中にある methyl farnesoate (MF) がオスの最終脱皮に関与していることを示した。今後は、ズワイガニの比較解析に供する温帯性近縁種であるオオヨツハマガニでも同様のパターンが見られるのか比較解析を進める。2025年度は、ズワイガニにおいてMF生成遺伝子をRNA干渉法で抑制した個体でのMF濃度の定量や、オオヨツハマガニの最終脱皮前後の雌雄を用いてMF濃度の変動パターンを解析した。

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-04-28
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 小林 一三 所属機関 (Institute) 法政大学 電話 (Phone no.)	部局 (Department) マイクロ・ナノテクノロジー研 究センター FAX (FAX no.)	職 (Job Title) 客員教授 E-Mail
1. 種別 / Category	統合ゲノミクス共同利用研究 / Collaborative research projects for integrative genomics		
2. 課題番号 / Project number	25NIBB426		
3. 研究課題名 / Research Project Title	世界のピロリ菌1000株のゲノムとメチロームに基づく進化機構の解析		
4. 所内対応者 / Host Researcher	内山 郁夫		
5. 共同利用研究者(敬称略)	小林一三：法政大学 客員教授 ； 東京大学 名誉教授 内山郁夫： 重信秀治： 西出浩世： 福世真樹：千葉大 助教 石川健：久留米大 講師		
6. 研究成果の概要及び今後の 展望 / Outline of research results and future prospects	(1) [適応変異の大量検出と解析] 目的は「種内適応変異を大量に検出し、適応の素過程を理解する」ことである。対象として、国際プロジェクトなどで解読した、世界各地のピロリ菌全ゲノム配列1000本超を中心に据えた。ピロリ菌の相互の相同組換えが頻繁で細かく、適応変異が隣り合った変異から速やかに切り離されると期待したためである。これらの全ゲノム配列をPCAで細分し、各集団に特異的な変異として2000超の適応変異を検出した。タンパクの実測／予測立体構造(AlphaFoldなどによる)に位置付け、構造／機能／生命活動への影響を推測した。予測した機能変換の検証特に実験検証が困難だったが、ChatGPTを使って情報の検索と機能の考察を加速／徹底できた。次の困難は、タンパク機能変換をマクロな適応形質と繋げることだった。そこで集団の分割をより自然なものに変えて、集団特異的な変異として200超の適応的な変異を得たところ、適応に至る巧妙な仕組みを多数明らかにできた。これらの成果は、保存残基に着目してきたタンパクの理解に適応の視点をもたらし、生命の理解を一段深いレベルに導くだろう。今後これに進化解析を加えて、集団単位での適応分化を解明する。 (2) [エピゲノム駆動適応進化] 適応進化機構には、「獲得形質の遺伝」vs.「多様性からの選択」の考え方がある。遺伝学の発展はゲノムレベルでの選択説を支持したが、獲得形質によるエピゲノムの変化が重要である場合も明らかになっている。私たちはこの問題を、「体細胞＝生殖系列」である単細胞細菌、その中でも各系列が数十の配列特異的DNAメチル化酵素のレパートリーを持つピロリ菌を対象として解析している。DNAメチル化酵素の変換に駆動される適応進化の理解は、エピゲノム適応進化のモデルになるだろう。 (2-1) 同一家族のメンバーから分離したピロリ菌について、ゲノムとメチロームを解読し、配列特異的DNAメチル化酵素が、変異再編によって認識配列を変換しメチロームを作り替える過程を明らかにした。トランスクリプトーム解析から遺伝子発現ネットワークの変換を示し、ミクロ適応進化を明らかにした。 (2-2) H. pylori Genome Projectから得られた世界各地からのピロリ菌千株のメチロームに基づいて網羅的に検出されたDNAメチル化酵素のリスト（Rich Robertsらによる）から、DNAメチル化酵素遺伝子の認識配列変換によるメチローム変換を検出し、メカニズムを明らかにしている。III型とI型のメチル化酵素の配列特異性ドメインについて、複数の変換の例を発見した。その機構を解析中である。上記の集団分化と対応づけて、エピゲノム変換による適応分化を明らかにしつつある。 (2-3) これらのメチローム進化を記載するために、これまでの分子進化学的枠組みをメチル化塩基を含めた形に作り替える。その第一歩として6mAと4mCを含んだ8塩基への適応に成功し刊行した。 (3) [発がんの仕組み] 私たちが発見した「塩基をまず切り出す新型の制限酵素」を、ピロリ菌がヒトゲノムに働かせ胃がんを起こす証拠を刊行した。これはがんの理解と医療を新しい段階に進める。他のがんへの拡張を進めている。		

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-04-29
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 鈴木 孝幸 所属機関 (Institute) 大阪公立大学 電話 (Phone no.)	部局 (Department) 大学院理学研究科 FAX (FAX no.)	職 (Job Title) 教授 E-Mail
1. 種別 / Category	統合ゲノミクス共同利用研究 / Collaborative research projects for integrative genomics		
2. 課題番号 / Project number	25NIBB427		
3. 研究課題名 / Research Project Title	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		
4. 所内対応者 / Host Reseacher	重信 秀治		
5. 共同利用研究者(敬称略)	・ 鈴木孝幸：大阪公立大学大学院理学研究科 教授 / Takayuki Suzuki: Osaka Metropolitan University, Department of Biology, Faculty of Science, Professor ・ 佐藤 晋：大阪公立大学大学院理学研究科大学院生 / Shin Sato: Shizen University, Osaka Metropolitan University, Department of Biology, Faculty of Science, graduate student ・ 松山容平：大阪公立大学大学院理学研究科大学院生 / Yo-hei Matsuyama: Shizen University, Osaka Metropolitan University, Department of Biology, Faculty of Science, graduate student ・ 直江由充子：大阪公立大学大学院理学研究科大学院生 / Yumiko Naoe Matsuyama: Shizen University, Osaka Metropolitan University, Department of Biology, Faculty of Science, graduate student		

6. 研究成果の概要及び今後の展望 / Outline of research results and future prospects

本研究では、脊椎動物における体節形成および脊椎骨数決定機構の分子基盤を明らかにすることを目的として、スポン、マウス、ニワトリ、シマヘビを対象に、中軸中胚葉における遺伝子発現制御機構の解析を進めてきた。

2025年度には、各種胚から中軸中胚葉細胞を単離し、Histone H3K27Acを指標としたCUT&Tagサンプルを作製した。これにより、転写活性化状態にあるゲノム領域、特にエンハンサー候補領域の同定に向けた基盤を構築した。加えて、既に取得済みのATAC-seqデータと統合することで、クロマチン開放領域とヒストン修飾情報の両面から、Gdf11およびHox11遺伝子座周辺の機能的エンハンサー領域の同定が可能となる体制を整えた。さらに、RNA-seq解析に向けたサンプル取得およびライブラリー作製にも成功しており、前体節中胚葉における遺伝子発現プロファイルを高精度に取得する準備が整っている。これにより、Gdf11およびHox11の発現制御に関与する上流因子や、脊椎骨数決定に関わる候補遺伝子群の同定が期待される。加えて、シマヘビにおいては高精度なドラフトゲノムの構築（コンティグ長30 Mb以上）およびHi-C解析による染色体構造情報の取得に成功し、エンハンサーと標的遺伝子の空間的関係性を考慮した解析基盤を確立した。また、RNA-seqデータに基づくアノテーションの再構築により、ゲノム情報の高度化も進めている。

これらの網羅的解析基盤に加え、本共同研究により、Gdf11遺伝子の発現制御に関する重要な分子機構が明らかとなった。特に、Gdf11遺伝子座に存在するF領域が、単なる補助的エンハンサーではなく、Gdf11シグナルの機能的出力に直接関与する重要な制御要素であることが示された。F領域欠損マウスではGdf11の発現低下は軽微であった一方で、仙椎の位置が脊椎骨1つ分後方にシフトするとともに、下流のHoxd11の発現が有意に低下しており、F領域がGdf11を介して後方Hox遺伝子群の発現制御に寄与することが明確となった。

さらに、F領域内のETSおよびPEA3結合配列がエンハンサー活性に必須であることが示され、特定の転写因子結合を介した制御機構の存在が示唆された。一方で、これらの転写因子は一般にFGFシグナルの下流で機能するとされるにもかかわらず、FGF8過剰発現条件下でF領域活性が低下したことから、F領域の制御はFGFシグナル非依存的である可能性が示された。この知見は、従来のシグナル依存的エンハンサー制御モデルとは異なる新たな転写制御機構の存在を示すものである。以上より、Gdf11の発現制御は複数のエンハンサーの協調的作用によって成立しており、F領域は其中でもGdf11シグナル強度および下流遺伝子発現に影響を与える重要な構成要素であることが明らかとなった。

今後は、CUT&TagおよびATAC-seqデータの統合解析により、各種間におけるGdf11およびHox11遺伝子周辺のエンハンサー配列の保存性および多様性を明らかにする。特に、本研究で機能的重要性が示されたF領域に相当する配列が他種においてどの程度保存されているか、またその配列構造および転写因子結合様式の違いが、種特異的な脊椎骨数の違いにどのように寄与しているかを検証する。

また、RNA-seqデータ解析により同定される上流因子候補について、F領域における結合可能性を検討し、ETS/PEA3に加えた新規転写制御ネットワークの解明を目指す。特に、FGF非依存的に機能する転写因子群の同定は、発生過程における新規シグナル統合機構の理解につながると期待される。さらに、シマヘビを含む複数種間での遺伝子発現量の定量比較を行うことで、脊椎骨数の進化的多様性を規定する遺伝子群の抽出を進める。このような比較解析により、エンハンサー活性の違いと遺伝子発現量の変化がどのように形態進化へと結びつくかを明らかにすることが可能となる。加えて、Hi-Cデータを活用した3次元ゲノム構造解析とエンハンサー機能解析を統合することで、Gdf11およびHox遺伝子群の発現制御における空間的制御機構の解明を進める。

本研究で得られた知見は、発生生物学における遺伝子発現制御の理解を深化させるとともに、進化発生学の観点から脊椎動物の形態多様性の起源を説明する重要な基盤となることが期待される。さらに、エンハンサーの機能的多様性およびシグナル非依存的転写制御機構の理解は、広範な生命科学分野への波及効果を持つと考えられる。

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-04-30
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 渡邊 寛 所属機関 (Institute) 沖縄科学技術大学院大学 電話 (Phone no.)	部局 (Department) 進化神経生物学ユニット FAX (FAX no.)	職 (Job Title) 准教授 E-Mail
--	--	---	--------------------------------

1. 種別 / Category	統合ゲノミクス共同利用研究 / Collaborative research projects for integrative genomics
2. 課題番号 / Project number	25NIBB428
3. 研究課題名 / Research Project Title	Genomics and Systematic Functional Analysis of the Neurodevelopmental Mechanisms of the Model Ctenophore <i>Bolinopsis mikado</i> .
4. 所内対応者 / Host Researcher	重信 秀治
5. 共同利用研究者(敬称略)	稲葉 一男: 筑波大学下田臨海実験センター 教授 東島 眞一: 基礎生物学研究所神経行動学研究部門 教授 三宅みなと: 沖縄科学技術大学院大学進化神経生物学ユニット 大学院生 ワン ホンシ ム: 沖縄科学技術大学院大学進化神経生物学ユニット 博士研究員 城倉圭 : 基礎生物学研究所神経行動学研究部門 ポスドク
6. 研究成果の概要及び今後の展望 / Outline of research results and future prospects	現生の後生動物で最も初期に分岐した系統であるクシクラゲ類は、神経細胞や筋肉細胞といった動物特異的な機能性体細胞タイプの進化的起源などを含む動物の初期進化過程を理解する上で重要なモデルとなる。本計画では日本産クシクラゲの一種カブトクラゲのゲノムデータの効率的な利用のためのプラットフォーム整備を進めてきた。現在までにカブトクラゲのゲノムアセンブリを進め、トランスクリプトームデータのゲノム上へのマッピングと遺伝子モデル作成が進んだ。この新たなゲノム・遺伝子モデルのデータを参照することで、 １）新規神経ペプチドや神経や筋肉の分化制御に関わる可能性のある転写因子複数同定することに成功した。 ２）Morpholinoを用いた遺伝子機能抑制により、クシクラゲにおける神経分化と筋肉分化に必須の転写因子を複数同定することができた。 ３）RNAseqの実施により、これらの転写因子が制御する遺伝子群をゲノムワイドに同定することに成功し、動物特異的な体細胞種の祖先的特性に関して、遺伝子レベルでの重要な知見を得た。 ４）カブトクラゲ単一細胞トランスクリプトーム実施のためのサンプル調整の最適化において進展が見られた。 ５）基礎生物学研究所内において、カブトクラゲのトランスジェニック系統作成に関する様々な条件検討が進んだ。 ６）現在まで得られた知見を、2025年度の国内学（動物学会など）や国際学会（Tutzing meeting, Germany）で発表した。

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-04-30
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 嶋田 誠 所属機関 (Institute) 藤田医科大学 電話 (Phone no.)	部局 (Department) 医科学研究センター FAX (FAX no.)	職 (Job Title) 講師 E-Mail
--	---	---	-------------------------------

1. 種別 / Category	統合ゲノミクス共同利用研究 / Collaborative research projects for integrative genomics
2. 課題番号 / Project number	25NIBB429
3. 研究課題名 / Research Project Title	HapSTR解析が明らかにする人類のポリグルタミン多様化
4. 所内対応者 / Host Researcher	重信 秀治
5. 共同利用研究者(敬称略)	該当なし
6. 研究成果の概要及び今後の展望 / Outline of research results and future prospects	本研究は、ポリグルタミン（polyQ）反復長多型（STR多型）のみならず、その近傍領域に存在する一塩基多型（SNP）ハプロタイプを一連のhapSTR型として区別し、SNPハプロタイプのクラスターごとにSTR多型の進化を解析するものである。これにより、従来は進化速度が速すぎるため進化的解析の適用が困難であった反復数多型に作用する選択圧を同定し、ヒト特異的なpolyQ多様化進化の過程と機構を明らかにするとともに、polyQ病のリスクアレルが集団中に維持され続ける要因の解明を目指す。さらに、世界各地の民族集団の比較により、人類進化の過程でpolyQ多様化が生じた時期と要因を解明することを目的とする。前年度（2024年度）までに、世界各地の集団および少数のチンパンジーを含む約400個体についてLong PCRを実施した。2025年度は、これら約400個体のPCR産物に対してPacBio社のHiFi long-read sequencingを基礎生物学研究所共同利用を通じて実施し、Fastqデータを取得した。さらに、得られたFastqデータをヒトゲノム上にマッピングし、その結果を目視確認するための処理工程を自動化するBashシェルスクリプトを作成した。各PCR産物において多数のHiFiリードが観察されることから、それらをクラスター化するところまで解析を進めた。今後は、同一試料から得られた複数のリード配列を用いて2本の二倍体（diploid）配列を再構築し、HapSTR遺伝子型として推定する。さらに、別途実施したSTRフラグメント解析の結果と統合することで、より正確な配列決定を行う予定である。

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-04-29
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 勝山 裕 所属機関 (Institute) 滋賀医科大学 電話 (Phone no.)	部局 (Department) 医学部 FAX (FAX no.)	職 (Job Title) 教授 E-Mail
--	---	---	-------------------------------

1. 種別 / Category	統合ゲノミクス共同利用研究 / Collaborative research projects for integrative genomics
2. 課題番号 / Project number	25NIBB430
3. 研究課題名 / Research Project Title	ニューロンゲノムのロバストネス機構の解明
4. 所内対応者 / Host Researcher	重信 秀治
5. 共同利用研究者(敬称略)	勝山裕：滋賀医科大学 解剖学講座 教授 伊原大：滋賀医科大学 解剖学講座 助教 Zolzaya Sunjidmaa：滋賀医科大学 解剖学講座 大学院生 Nur Rasyiqin Rasli：滋賀医科大学 解剖学講座 大学院生
6. 研究成果の概要及び今後の展望 / Outline of research results and future prospects	SBNO1は神経発達障害に関連することが指摘されている遺伝子であり、我々は自閉症患者の1名にSBNO1点突然変異を見出した。この変異を再現した遺伝子改変マウスを作成したところ、自閉症に関連した行動の表現型を示すことがわかった。そこで、本研究ではこのSbno1点突然変異マウス大脳皮質と正常なマウスの大脳皮質のRNA-seqを行い全ゲノム的に遺伝子の異常があるかを確かめた。その結果、変異マウス大脳皮質で自閉症に関連する複数の遺伝子の発現の低下を見出した。 また、Sbno1の脳発生における役割を知るためにノックアウトマウスを作成したところ、特に海馬に顕著な形態異常を見出した。そこで、海馬をCA1, CA3、歯状回の3部に切り分けて、摘出し、ノックアウトマウスと正常マウスとの間でRNA-seqによる遺伝子発現の違いを調べた。現在データの詳細な解析を行っている最中である。RNA-seqデータは、CA1, CA3, 歯状回で、それぞれに特異的に発現することが知られている遺伝子のリードが明らかに多いことから、次世代シーケンスのために行った、我々の海馬の解剖操作は正確に行われたことが、確認できた。さらにDEGなどを比較し、Sbno1がどのような遺伝子の発現制御に関わるかを明らかにする。

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-04-28
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 川口 正代司 所属機関 (Institute) 基礎生物学研究所 電話 (Phone no.)	部局 (Department) 進化多様性生物学領域 FAX (FAX no.)	職 (Job Title) 教授 E-Mail
--	---	--	-------------------------------

1. 種別 / Category	統合ゲノミクス共同利用研究 / Collaborative research projects for integrative genomics
2. 課題番号 / Project number	25NIBB431
3. 研究課題名 / Research Project Title	アーバスキュラー菌根菌の絶対共生性と根粒形成の全身制御の解明に向けたメタボローム解析
4. 所内対応者 / Host Researcher	吉田 拓也
5. 共同利用研究者(敬称略)	田中幸子：技術職員 / Sachiko Tanaka, NIBB, Technical Staff 橋本佳世：研究員 / Kayo Hashimoto, NIBB, Researcher 大熊直生：研究員 / Nao Okuma, Riken, Researcher 小田明子：技術支援員 / Akiko Oda, NIBB, Technical Assistant 森 友子：技師 / Tomoko Mori, NIBB, Engineer
6. 研究成果の概要及び今後の展望 / Outline of research results and future prospects	アーバスキュラー菌根菌（AM菌）は、多くの陸上植物と共生する糸状性の真菌である。AM菌は菌糸を通してリンなどの栄養素を植物に供給すると同時に、植物から光合成産物を受け取って増殖する。AM菌は植物に共生しなければ増殖できない絶対共生菌であるが、Rhizophagus clarusは、脂肪酸やストリゴラクトンを与えると、植物に感染することなく菌糸を分岐させ、多数の胞子を形成する。本年度は、AM菌を感染させたミヤコグサ及びニンジン毛状根と非共生培養で増殖させたR. clarusの胞子中の脂質（トリアシルグリセロール）及びリン脂質（フォスファチジルコリン）を検出することを試みた。サンプルを転写プレートに載せ、質量分析装置を用いて分析したところ、感染毛状根と胞子から主にパルミチン酸を多く含む脂質が検出された。今後、AM菌の非共生増殖の鍵となる代謝産物を検出することが重要と思われる。 ミヤコグサの野生型MG-20とhar1変異体の硝酸濃度に応答した葉における各種アミノ酸の定量解析を、前々年度より継続して行なってきたが、再現性のあるデータを得ることができなかった。一方、有機酸については、har1変異株における高蓄積が比較的良好な再現性で確認された。アルギニンからの代謝産物であるポリアミンについては、質量分析法を用いた検出条件がTSBセンターのスタッフにより決定された。

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-04-09
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 菊地 真理子 所属機関 (Institute) 名古屋大学 電話 (Phone no.)	部局 (Department) 大学院理学研究科 FAX (FAX no.)	職 (Job Title) 助教 E-Mail
--	--	--	-------------------------------

1. 種別 / Category	統合ゲノミクス共同利用研究 / Collaborative research projects for integrative genomics
2. 課題番号 / Project number	25NIBB432
3. 研究課題名 / Research Project Title	雌性発生魚Amazon mollyのscRNA-seqによる生殖様式多様化機構の解明
4. 所内対応者 / Host Reseacher	重信 秀治
5. 共同利用研究者(敬称略)	・ 菊地 真理子：名古屋大学大学院理学研究科 助教 ・ 田中 実：名古屋大学大学院理学研究科 教授 ・ 池田 優：名古屋大学大学院理学部 学部学生 ・ Manfred Scharlt：University of Würzburg, department of physiological chemistry, professor
6. 研究成果の概要及び今後の展望 / Outline of research results and future prospects	本研究は、多様な有性生殖様式の進化基盤を分子レベルで解明することを目的とする。有性生殖には、雌雄異体、雌雄同体、単為生殖など、多様な様式が存在する。これらの多様化は、種の適応進化において重要な要素と考えられるが、その分子基盤は未解明である。本研究では、有性生殖の基盤をなす配偶子形成の「モジュール性」に着目し、多様化の分子基盤を探る。具体的には、単為生殖を行う淡水魚アマゾンモーリーの卵巣を用いたシングルセルRNA-seq (scRNA-seq) を実施し、「減数分裂モジュール」のバイパスによる単為生殖進化の分子メカニズムの解明を目指す。 2025年度は、以下の2種の卵巣を用い、2024年度に続く2回目のscRNA-seqを実施した。 ・ アマゾンモーリー：単為生殖種 ・ スリコギモーリー：ハイブリッドに起源をもつアマゾンモーリーの母方祖先であり現存する雌雄異体 得られたリード配列を2024年度取得のデータと統合し、アマゾンモーリーのリファレンスにマッピングした。その上で、発現プロファイルに基づく生殖細胞の集団解析およびアマゾンモーリーとスリコギモーリー間の遺伝子発現比較解析を行った。並行して、「peaks2utr」を用いた3'UTRアノテーションの改善や、「minimap2」による両種の全ゲノムシntenニー比較も実施した。これらの追試および改善により、解析に十分な数の生殖細胞母集団が得られ、初回解析とは異なる「減数分裂バイパス候補因子」を複数抽出することに成功した。 現在は、得られた候補因子を雌雄異体のメダカでノックアウトし、単為生殖の人為的誘導を試みている。これらの研究を通じて、有性生殖の多様化をもたらす分子基盤の解明が期待される。

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-04-11
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 小林 一也 所属機関 (Institute) 弘前大学 電話 (Phone no.)	部局 (Department) 農学生命科学部 FAX (FAX no.)	職 (Job Title) 教授 E-Mail
--	--	---	-------------------------------

1. 種別 / Category	統合ゲノミクス共同利用研究 / Collaborative research projects for integrative genomics
2. 課題番号 / Project number	25NIBB433
3. 研究課題名 / Research Project Title	ブ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?
4. 所内対応者 / Host Reseacher	重信 秀治
5. 共同利用研究者(敬称略)	阿形 清和：基礎生物学研究所 所長 熊谷 信是：弘前大学農学生命科学部 生物学科 機関研究員 山口 勝司：基礎生物学研究所トランスオミクス解析室 主任技術員 松本 緑：慶應義塾大学自然科学研究教育センター 訪問准教授
6. 研究成果の概要及び今後の展望 / Outline of research results and future prospects	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、ブラナリアが無性世代にネオプラストに蓄積する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。 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株がゲノム解読に適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、続いて次世代シーケンサーPacBioを用いたシーケンス、そしてそれに伴うde novoアセンブリを行う必要がある。基礎生物研究所では、一昨年度、PacBio2セル分のリードを用いてアセンブリを行った結果、N50＝6.0Mbというこれまでよりも格段に品質の向上したゲノムアセンブリを得ることができた。一昨年度は、得られたゲノムに対し既存のRNAseqのデータを用いて遺伝子予測を行った。今年度は、引き続きchromosomeレベルのゲノムアセンブリを目指し追加のHi-Cシーケンスを行う予定である。 弘前大学では、変異圧として用いるX線照射について、ブラナリア無性個体への影響の検討を行い、致死線量を決定した。また、淘汰圧として用いるNa+/K+ATP阻害剤であるウワバインについて、ブラナリアの致死濃度を決定した。現在、無性個体を用いてX線照射／ウワバイン処理グループ、X線照射／非ウワバイン処理グループ、X線非照射／ウワバイン処理グループ、X線非照射／非ウワバイン処理グループの4群を準備している。X線照射とウワバイン処理は3ヶ月に一度行う予定で、1年以上経過したのちに各グループを有性化し、それぞれのF1を得てSNP/indel解析で、上述の仮説を検証する。この時、Na+/K+ATPアーゼ遺伝子上での変異にも注目していく。

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-04-27
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 横山 仁 所属機関 (Institute) 弘前大学 電話 (Phone no.)	部局 (Department) 農学生命科学部 FAX (FAX no.)	職 (Job Title) 准教授 E-Mail
--	---	---	--------------------------------

1. 種別 / Category	統合ゲノミクス共同利用研究 / Collaborative research projects for integrative genomics
2. 課題番号 / Project number	25NIBB434
3. 研究課題名 / Research Project Title	ゼノバ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
4. 所内対応者 / Host Reseacher	内山 郁夫
5. 共同利用研究者(敬称略)	・横山仁：弘前大学農学生命科学部 准教授 ・内山郁夫：基礎生物学研究所 准教授 ・重信秀治：基礎生物学研究所 教授 ・学部学生 3 名：弘前大学農学生命科学部 ・大学院生 3 名：弘前大学大学院農学生命科学研究科
6. 研究成果の概要及び今後の展望 / Outline of research results and future prospects	本研究では四肢を切断した際に、幼生ではほぼ完全な四肢を再生するが、成体では 1 本の棒状軟骨しか再生しないゼノバス（ツメガエル）を対象にして以下の 2 つの研究を実施している。項目ごとに成果の概要と今後の展望を述べる。 1．幼生と成体の四肢再生に対する網羅的な遺伝子発現比較 前年度までの研究でネットアイツメガエルにおいて幼生と成体の四肢再生における転写産物を比較し、幼生の四肢再生で特異的に発現量が多い遺伝子をリストアップしていた。今年度の研究では、リストアップした代表的な遺伝子の発現をネットアイツメガエルの四肢再生の過程では確認するだけでなく、四肢の発生過程における発現様式を解析した。さらにオーソログにあたる遺伝子をイペリアトゲイモリでもクローニングして四肢再生での発現を確認している。今後は筋肉分化のカギとなるbHLH型の転写因子群の発現と比較しながら、再生における筋肉形成との関連を示していく予定である。 2．四肢再生と皮膚再生に対する網羅的な遺伝子発現比較 変態後の成体では四肢再生は不完全であるが再生芽は形成する。また皮膚だけの創傷であれば成体はほぼ完全に再生する。これまでにアフリカツメガエルを対象にしたRNA-seqによる発現比較により、四肢再生と皮膚再生で共通して発現量が増加する遺伝子をリストアップしていた。今年度はこれに加えて両方の再生で共通して発現量が減少する遺伝子についてもリストアップし、GOエンリッチメント解析を実施した。今後はリストアップした遺伝子の中から代表的なものを選んで、阻害剤の利用やゲノム編集による遺伝子ノックアウトを通して、機能レベルでの解析を行う予定である。

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-04-29
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 梅原 三貴久 所属機関 (Institute) 東洋大学 電話 (Phone no.)	部局 (Department) 生命科学部 FAX (FAX no.)	職 (Job Title) 教授 E-Mail
1. 種別 / Category	統合ゲノミクス共同利用研究 / Collaborative research projects for integrative genomics		
2. 課題番号 / Project number	25NIBB435		
3. 研究課題名 / Research Project Title	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		
4. 所内対応者 / Host Researcher	重信 秀治		
5. 共同利用研究者(敬称略)	岡崎 夏鈴：理化学研究所環境資源科学研究センター 基礎科学特別研究員 / Karin Okazaki: RIKEN Center for Sustainable Resource Science, special postdoctoral researcher 竹内 紗文：東洋大学生命科学部 学部学生 / Saya Takeuchi: Toyo University, Faculty of Life Sciences, undergraduate student		
6. 研究成果の概要及び今後の展望 / Outline of research results and future prospects	植物は、一度分化した細胞であっても脱分化を経て分化全能性を発揮し、完全な植物個体へ再生する能力を有する。一般的に、植物体細胞から個体再生を誘導するためには、培養培地中にオーキシンやサイトカイニンなどの植物ホルモンを添加する必要がある。しかしながら、最適な植物ホルモンの種類や濃度は植物種や使用する組織片ごとに異なるため、実験条件の最適化には経験的な試行錯誤が求められる。薬用植物のトコン（<i>Carapichea ipecacuanha</i> (Brot.) L. Andersson）は、植物ホルモン無添加の培地においても、植物体から切り出した節間切片を置床するのみで、カルス形成を経ることなく、不定芽を誘導できる特徴を有する。この過程では、植物体の切断が契機となり、節間切片中の分化細胞にダイナミックな構造変化が生じ、不定芽形成が進行する。これには内生植物ホルモンが関与し、不定芽形成に必要な遺伝子の発現誘導、あるいは不定芽形成を抑制する遺伝子発現が起こると考えられる。そこで本研究では、RNA-seq解析で不定芽形成に関わる遺伝子を同定し、植物の可塑的な再生メカニズムの解明を目的として遺伝子スクリーニングを実施した。 フローサイトメトリ解析の結果、トコンのゲノムサイズは1137.4 Mbpと推定された。また、PacBioのロングリードシーケンサーを用いた全ゲノム解析により、ゲノムアセンブリを構築した。さらに、Hi-C解析と根端分裂細胞における染色体観察の結果から、トコンの染色体数は2n=22であることを確認した。そして、系統樹解析により、本種がアカネ科のコーヒノキと近縁であることを再確認した（Fig. 1）。昨年度までに付与されたトコンのアノテーション情報と、ヒメツリガネゴケ、イネ、ミヤコグサ、コーヒノキ、シロイヌナズナのタンパク質配列情報を用いて、OrthoFinder v3を用いたオルソログ解析を実施した。この解析結果に基づき、節間切片の茎頂側と基部側に分けて実施したRNA-seqデータについて、GOエンリッチメント解析を行った（Fig. 2）。その結果、節間切片の茎頂側では、植物ホルモンの応答や代謝、パターン形成、シュート形成に関わる遺伝子などの発現が顕著に上昇していた。一方、基部側ではホメオスタシス、金属イオン輸送、細胞壁関連などの遺伝子発現が優位であった。不定芽は主に節間切片の茎頂側に形成され、基部側からはほとんど形成されないことが知られており、これまでの結果と合致すると考えている。さらに、シュート原基形成関連遺伝子については個別に詳細な解析を行い、その発現パターンを精査した。論文投稿に向けたデータが整いつつあり、今年度中には原著論文として投稿する予定である。 その他、本研究に参画していた大学院生が博士号を取得して本学を修了したことに伴い、新たに配属された学部生に対して、基礎生物学研究所のゲノムインフォマティクス・トレーニングコースへの参加を通じて、ゲノム解析の基礎技術の習得を図った。		

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-03-30
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 本橋 令子 所属機関 (Institute) 静岡大学 電話 (Phone no.)	部局 (Department) 学術院農学領域 FAX (FAX no.)	職 (Job Title) 教授 E-Mail
--	--	---	-------------------------------

1. 種別 / Category	統合ゲノミクス共同利用研究 / Collaborative research projects for integrative genomics
2. 課題番号 / Project number	25NIBB436
3. 研究課題名 / Research Project Title	磯焼け改善のためのアマモ（Zostera marina L.）のゲノム情報基盤整備
4. 所内対応者 / Host Reseacher	重信 秀治
5. 共同利用研究者(敬称略)	本橋令子:静岡大学 学術院農学領域 教授 山下寛人:静岡大学 学術院農学領域 助教 赤見颯真：静岡大学 農学部 4年生
6. 研究成果の概要及び今後の 展望 / Outline of research results and future prospects	共同研究の成果として、駿河湾沿岸のアマモとアコマモのゲノム抽出、ライブラリーの構築、ゲノムのアッセンブルが行われた。しかしながら、駿河湾沿岸のコアマモのゲノムのアッセンブルがサンプルの状態が悪く難しかったため、再度、コアマモのサンプリングを行い、ゲノム配列決定を行う必要がある。

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-04-30
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 鈴木 誠 所属機関 (Institute) 広島大学 電話 (Phone no.)	部局 (Department) 両生類研究センター FAX (FAX no.)	職 (Job Title) 助教 E-Mail
--	---	---	-------------------------------

1. 種別 / Category	統合ゲノミクス共同利用研究 / Collaborative research projects for integrative genomics
2. 課題番号 / Project number	25NIBB437
3. 研究課題名 / Research Project Title	ネットアイツメガエル近交系の表現型多型のQTL解析
4. 所内対応者 / Host Researcher	重信 秀治
5. 共同利用研究者(敬称略)	山口 勝司：基礎生物学研究所トランスオミクス解析室 主任技術員 / Katsushi Yamaguchi: National Institute for Basic Biology, trans-omics facility,chief technician 島本 百香：広島大学大学院統合生命科学研究科 大学院生 / Momoka Shimamoto: Hiroshima University, graduate school of integrated sciences for life, graduate student
6. 研究成果の概要及び今後の展望 / Outline of research results and future prospects	ネットアイツメガエルは発生生物学のモデル四足動物で、小さな2倍体ゲノムを持ち遺伝子改変が容易で性成熟までの時間が短い等、遺伝学研究に適した特性を備える。また、全ゲノム情報が整備され、近年では生理・医学研究での利用も進んでいる。広島大学では20年以上の兄妹交配によりネットアイツメガエルの近交系が確立されており、標準系統のNigerian A (NA)を中心に主要4系統 [NA, Nigerian H (NH), Nigerian BH (NBH), Ivory Coast (IC)]の遺伝学的解析が進められてきた。本研究では、ddRAD-seqによるQTL解析を実施することにより、これら近交系系統で見出された特徴的な形態および行動に関する形質の遺伝的基盤を明らかにすることを目的とした。 本年度は、昨年度に実施したネットアイツメガエル近交系F2世代を対象とした表現型解析から得られた形質データ、およびddRAD-seq解析より得られた配列データを用いて、近交系間に見出された表現型多型のQTL解析を実施した。まず、配列データについて、fastpによる低品質リードおよびアダプター配列の除去、BWA-MEM2によるリファレンス配列のリードのマッピング、そしてStacks2によるSNP検出とマーカー選別を実施することにより、約4000の候補マーカーを同定した。次に、同定したマーカーを用いて、外部形状、体色、性別等の定性的・定量的な形質を対象としたQTL解析を実施することにより、それら形質の表現型多型と有意に関連する複数のQTLを同定した。今後は、公共あるいは新たに取得したRNA-seqによる遺伝子発現プロファイルやコード領域変異の有害性予測ツールを活用することにより、QTL内に存在する各表現型の責任遺伝子の候補リストを作成し、詳細な遺伝子発現解析やゲノム編集個体の表現型解析を通じて、責任遺伝子を同定する計画である。

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-04-27
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 立田 晴記 所属機関 (Institute) 九州大学 電話 (Phone no.)	部局 (Department) 大学院理学研究院 生物科学部 門 FAX (FAX no.)	職 (Job Title) 教授 E-Mail
--	--	---	-----------------------------------

1. 種別 / Category	統合ゲノミクス共同利用研究 / Collaborative research projects for integrative genomics
2. 課題番号 / Project number	25NIBB438
3. 研究課題名 / Research Project Title	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
4. 所内対応者 / Host Researcher	重信 秀治
5. 共同利用研究者(敬称略)	立田 晴記：九州大学大学院理学研究院 教授/Haruki TATSUTA: Kyushu University, Graduate School of Science, Professor 佐藤 行人：琉球大学医学部 講師: University of the Ryukyu, Faculty of Medical Science, Lecturer 陰山 大輔：国立研究開発法人農業・食品産業技術総合研究機構 上級研究員：Institute of Agrobiological Sciences, National Agriculture and Food Research Organization (NARO), Principal Scientist 長峯 啓祐：国立研究開発法人農業・食品産業技術総合研究機構 任期付研究員：Institute of Agrobiological Sciences, National Agriculture and Food Research Organization (NARO), Researcher
6. 研究成果の概要及び今後の展望 / Outline of research results and future prospects	〔成果〕 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。また解析に利用する標本を追加で採集した。 〔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。標本の追加サンプリングも実施する。

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-04-27
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 谷本 拓 所属機関 (Institute) 東北大学 電話 (Phone no.)	部局 (Department) 大学院生命科学研究科 FAX (FAX no.)	職 (Job Title) 教授 E-Mail
--	---	--	-------------------------------

1. 種別 / Category	統合ゲノミクス共同利用研究 / Collaborative research projects for integrative genomics
2. 課題番号 / Project number	25NIBB439
3. 研究課題名 / Research Project Title	エダアシクラゲのメタボローム・ペプチドーム解析から紐解く食欲調節機構の進化
4. 所内対応者 / Host Reseacher	吉田 拓也
5. 共同利用研究者(敬称略)	重信 秀治：基礎生物学研究所トランスオミクス解析室 教授 トーマ ブラディミロス：東北大学大学院生命科学研究科 助教 森 友子：基礎生物学研究所トランスオミクス解析室 技術職員 牧野 由美子：基礎生物学研究所トランスオミクス解析室 技術職員 眞柴 弦太：東北大学大学院生命科学研究科 大学院生 Liu Mingxing：東北大学大学院生命科学研究科 大学院生
6. 研究成果の概要及び今後の展望 / Outline of research results and future prospects	本共同利用研究では、刺胞動物門に属するエダアシクラゲ（Cladonema pacificum）を用いてメタボローム解析およびペプチドーム解析を行い、神経系による食欲制御システムの進化的起源を明らかにすることを目的とした。このため、異なる摂食状態でこれらのオミクス解析を行うことで、食欲に関連して変動する分子を網羅的に同定することを目指す。具体的には、LC-MS/MSを用いて以下の2点を実施する。 (1)エダアシクラゲ成体からのメタボローム・ペプチドーム解析 (2)摂食状態依存的に変化するメタボローム・ペプチドームの定量 昨年度より、新規モデル生物開発共同利用研究「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の形成」において構築されたエダアシクラゲのトランスクリプトーム・ゲノムデータベースとLC-MSを組み合わせ、エダアシクラゲ成体のペプチドーム解析のためのサンプル調整条件を検討してきた。今年度はさらに、検出が困難である低分子ペプチドの解析のため、LC-MS/MS条件を最適化し、高分離能を備えた検出手法の確立を図った。その結果、複数の遺伝子によってコードされる26の前駆体ペプチド配列を同定することに成功した。 今後は、異なる条件下におけるエダアシクラゲ成体のペプチドの定量を試みる。飢餓状態と満腹状態間の比較など、状態依存的なメタボローム・ペプチドームの変化を定量することで、摂食状態に応じて変動する分子を網羅的に明らかにする。予備実験は既に進行中であり、トランスオミクス解析室にてパイロットサンプルの解析を進めている。

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-04-16
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 上中 弘典 所属機関 (Institute) 鳥取大学 電話 (Phone no.)	部局 (Department) 農学部 FAX (FAX no.)	職 (Job Title) 准教授 E-Mail
1. 種別 / Category	統合ゲノミクス共同利用研究 / Collaborative research projects for integrative genomics		
2. 課題番号 / Project number	25NIBB440		
3. 研究課題名 / Research Project Title	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		
4. 所内対応者 / Host Researcher	重信 秀治		
5. 共同利用研究者(敬称略)	・ 山口 勝司：基礎生物学研究所トランスオミクス解析室 主任技術員 ・ 大和 政秀：千葉大学教育学部 教授 ・ 谷亀 高広：昭和大学富士山麓自然・生物研究所 講師 ・ 三浦 千裕：鳥取大学農学部 JSPS特別研究員		
6. 研究成果の概要及び今後の 展望 / Outline of research results and future prospects	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を用いた研究成果については昨年度Plant Physiology誌にて学術論文として発表した。ゲノム配列については、これまですでに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。また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。本年度も基礎生物学研究所へ訪問できなかったが、メール等でゲノム解析に関する論文のまとめ方についての打ち合わせを実施した。次年度には論文投稿まで持って行きたい。		

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-05-15
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 石川 麻乃 所属機関 (Institute) 東京大学 電話 (Phone no.)	部局 (Department) 大学院新領域創成科学研究科 FAX (FAX no.)	職 (Job Title) 准教授 E-Mail
--	--	---	--------------------------------

1. 種別 / Category	統合ゲノミクス共同利用研究 / Collaborative research projects for integrative genomics
2. 課題番号 / Project number	25NIBB441
3. 研究課題名 / Research Project Title	多機能性遺伝子がもたらす新規ニッチへの進出能力の分子遺伝機構の解明
4. 所内対応者 / Host Researcher	重信 秀治
5. 共同利用研究者(敬称略)	谷本 昌志、基礎生物学研究所生命創成探究センター、助教 永田 晋治、東京大学大学院新領域創成科学研究科、教授 佐藤 拓哉、京都市生態学研究センター、教授
6. 研究成果の概要及び今後の展望 / Outline of research results and future prospects	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、多機能性遺伝子に着目し、その分子制御機構と機能を解明する。モデルとするのは、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を喪失し、各淡水域に合わせた多様な繁殖期を獲得している。私たちは、この日長応答性の喪失に甲状腺刺激ホルモンTSHβ2が中心的な役割を果たすことが明らかにしてきた。祖先的な海型では、TSHβ2が日長条件に応じ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TSHβ2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。このTSHβ2をノックアウトすると、繁殖形質だけでなく多くの行動形質や脳トランスクリプトームが海型から淡水型タイプに切り替わることが分かった。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、TSHβ2が何度もその日長応答性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、TSHβ2の機能やその分子制御機構とともに、TSHβ2がもたらす行動への影響を詳細に解析する。 本年度は、TSHβ2の上流経路の分子制御ネットワークを明らかにするために、1細胞マルチオーム解析を進め、下垂体のTSHβ2発現細胞と共局在する光感受関連遺伝子を発見した。これらの一部は日長応答性を示した。単離培養した下垂体も日長感受性を持つことから、これらがTSHβ2の上流経路に関わると示唆された。また、高解像度カメラによる遊泳行動の解析系を検討し、特にヒレの動きについて、集団間で違いがある可能性を示すデータを得た。

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-04-28
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 土 田 努 所属機関 (Institute) 富山大学 電話 (Phone no.)	部局 (Department) 学術研究部理工学系 FAX (FAX no.)	職 (Job Title) 准教授 E-Mail
--	--	---	--------------------------------

1. 種別 / Category	統合ゲノミクス共同利用研究 / Collaborative research projects for integrative genomics
2. 課題番号 / Project number	25NIBB442
3. 研究課題名 / Research Project Title	虫こぶ形成昆虫が産生する植物ホルモンの局在と寄主植物輸送の可視化解析
4. 所内対応者 / Host Researcher	吉田 拓也
5. 共同利用研究者(敬称略)	・伊澤勇人 富山大学大学院理工学研究科 大学院生 / Yuto Isawa: University of Toyama, graduate School of science and engineering, graduate student ・温井貴駿 理学部生物学科 学生 / Takatoshi Nukui: University of Toyama, Faculty of Science, Department of Biology, Undergraduate student
6. 研究成果の概要及び今後の展望 / Outline of research results and future prospects	昆虫にとって安定した餌場や天敵からのシェルターとして機能する虫瘤(別名:虫えい、ゴール)は、昆虫が植物を形態的・生理的に操作することで形成される。我々は、「植物に寄生する植物」アメリカネナシカズラに寄生して虫瘤を形成する、という極めて興味深い生態をもつマダラケシツブゾウムシを実験室で安定して維持する系を確立した。 これまでの解析で、成虫による産卵が虫こぶを誘導し、幼虫がその肥大化を促すこと、また成虫には高濃度のサイトカイニン（CK）、幼虫には超高濃度のオーキシン（IAA）が含まれることを明らかにした。RNA-seqおよび阻害剤実験の結果、これらゾウムシ由来のホルモンが植物のシグナル伝達系を直接操作していることが強く示唆された。本課題では質量分析イメージング（MSI）を用い、ゾウムシ体内におけるこれらホルモンの局在を特定し、形成メカニズムの実態を明らかにする。 本年度は、ホルモン標品を用いた検出系の検討を行い、CK類（tZR, iPA等）については1 pmol～10 nmolでの検出条件を確立した。また、CMCコンパウンドを用いた切片作製手法を最適化し、30 μm厚の安定した切片確保が可能となった。 今後は、MSIによる成虫体内のCK局在観察を進めるとともに、LC-MSを用いて成虫の産卵随伴液中のCK、および幼虫唾液中のIAAの同定・検証を行う。

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-05-01
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 安藤 俊哉 所属機関 (Institute) 京都大学 電話 (Phone no.)	部局 (Department) 白眉センター/農学研究科 FAX (FAX no.)	職 (Job Title) 特定准教授 E-Mail
1. 種別 / Category	統合ゲノミクス共同利用研究 / Collaborative research projects for integrative genomics		
2. 課題番号 / Project number	25NIBB443		
3. 研究課題名 / Research Project Title	ナミテントウ・キチョウ・ゾウムシの種内多型のゲノムワイド連関解析		
4. 所内対応者 / Host Researcher	重信 秀治		
5. 共同利用研究者(敬称略)	安藤 俊哉: 京都大学 白眉センター 特定准教授 重信 秀治: 基礎生物学研究所 トランスオミクス解析室 教授 家木 壮一: 京都大学 農学研究科 博士課程大学院生 山口 勝司: 基礎生物学研究所 トランスオミクス解析室 主任技術員		
6. 研究成果の概要及び今後の 展望 / Outline of research results and future prospects	本研究では、野外生物に見られる色彩の種内多型の進化の遺伝学的機構の解明を目指し、種内に表現型多型を有する昆虫（ナミテントウ・スナムグリヒョウタンゾウムシ）のゲノムワイド連関解析を行った。ナミテントウにおいて、同種内に200以上の斑紋多型の進化を引き起こしたpannier遺伝子座とは別の斑紋の大小修飾変異の遺伝子座の同定を目指した。ゾウムシにおいては、野外集団に見られる白と黒の構造色の多型に関連する遺伝子座の同定を目指した連関解析を行った。本研究では、昨年度・一昨年度に取得したゲノム配列と昨年度取得したゲノムシーケンスデータを活用してゲノムワイド連関解析を行った。ナミテントウの同胞交配個体192匹・キチョウの同胞交配個体192匹・スナムグリヒョウタンゾウムシの同胞後輩個体60匹からゲノムDNAを抽出し、fddRAD-seqのプロトコールに従いライブラリ調製を進め、シーケンス解析を行った。 ナミテントウに関しては、昨年度取得した解析結果を元に、データ解析及び論文文化に向けた実験データの収集を進めた。また、関連した蛹の翅での遺伝子発現解析を進め、並行して進めている模様の性差に関する論文においてデータを解析データを公表した(Yeki et al., 2026)。 ゾウムシに関しては、QTL解析を進め、色彩の進化に関わる遺伝子座を絞り込み学会報告を行った（荒木ら、2026）。また、QTL解析に用いた実験室内飼育法を論文として発表した(Araki et al, 2025)。 今後は、色彩進化に関わる遺伝子座の絞り込みを高精度に行う必要性が生じたので、解析のサンプル数を増やすとともに、RNAiスクリーニング及び発現解析と合わせて責任遺伝子の絞り込みを進める。		

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-04-24
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 金井 雅武 所属機関 (Institute) 東京農業大学 電話 (Phone no.)	部局 (Department) 生命科学部 FAX (FAX no.)	職 (Job Title) 准教授 E-Mail
1. 種別 / Category	統合ゲノミクス共同利用研究 / Collaborative research projects for integrative genomics		
2. 課題番号 / Project number	25NIBB444		
3. 研究課題名 / Research Project Title	難分解性有機物の資化に関わる微生物分泌タンパク質の探索		
4. 所内対応者 / Host Researcher	吉田 拓也		
5. 共同利用研究者(敬称略)	金井 雅武：東京農業大学生命科学科 准教授 CHEAH JIA YI：東京農業大学大学院 生命科学研究科 大学院生		
6. 研究成果の概要及び今後の 展望 / Outline of research results and future prospects	申請者らが分離した子囊菌は低温条件下において高いセルロース分解活性を示すことが特徴である。この子囊菌を10℃および25℃でセルロースを添加した無機塩培地で培養し、生育量とセルロース分解量を評価した。10℃における生育量は25℃の生育量の1/4程度であったが、10℃におけるセルロース分解量は25℃の場合の1.4倍ほどであった。これは子囊菌が分泌するセルロース分解酵素の活性が低温によって高まっていることを示しており、分解酵素自体あるいは分解酵素の活性を増大させる因子の分泌量が高まっていることを示唆している。さらに、培地上清のセルロース分解活性を測定したところ、10℃で培養した培地上清の方が25℃の培地上清よりも2.5倍ほど高かったが、活性測定時の温度は影響を与えなかった。これは、培地上清に含まれるセルロース分解酵素の活性そのものは低温によって高まることは無く、低温条件下で子囊菌を培養することによりセルロース分解酵素あるいはセルロース分解酵素の活性を増大させる因子の分泌量が高まっている可能性を補強する結果である。続いて、低温と中温における分泌タンパク質の比較解析に向け、培地上清を濃縮しSDS-PAGE、銀染色を行ったところ、低温と中温で存在量に大きな差のあるタンパク質バンドが複数観察された。今後は、培養条件と分泌タンパク質の回収方法を工夫し、低温と中温培養において差が見られるタンパク質の同定に進みたい。		

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-04-27
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 筒井 直昭 所属機関 (Institute) 三重大学 電話 (Phone no.)	部局 (Department) 大学院生物資源学研究科 FAX (FAX no.)	職 (Job Title) 教授 E-Mail
--	--	---	-------------------------------

1. 種別 / Category	統合ゲノミクス共同利用研究 / Collaborative research projects for integrative genomics
2. 課題番号 / Project number	25NIBB445
3. 研究課題名 / Research Project Title	海産有用甲殻類の脱皮を制御する内分泌機構の解明
4. 所内対応者 / Host Reseacher	吉田 拓也
5. 共同利用研究者(敬称略)	松田 浩一：三重大学大学院生物資源学研究科 教授
6. 研究成果の概要及び今後の展望 / Outline of research results and future prospects	今回、LC-MS/MSを用いてイセエビ血リンパ中の脱皮ホルモン（20-ヒドロキシエクジソン、20E）を相対定量する手法が確立された。そこで、現在検討中の脱皮予測技術に基づいて脱皮に向かう個体を選別し、そこから2日に1回程度の頻度で経時的に血リンパを採取して20Eの動態を調べた。本技術において脱皮接近を予測できる時間的ポイントは2つあるが、脱皮日に近い第2のポイント以降に20Eのピークが観察されることが判明した。20Eのピークはlate premolt stageにみられることが多いことから、第2のポイントはlate premolt stage周辺に位置し、第1のポイントは20Eの顕著な増加がみられるよりも前に位置すると考えられた。今後は、脱皮予測技術の精度向上を図るとともに、20Eの測定例を増やすことで生理学的な裏付けを蓄積する。

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-04-24
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 山崎 康裕 所属機関 (Institute) 水産研究・教育機構 電話 (Phone no.)	部局 (Department) 水産大学校 FAX (FAX no.)	職 (Job Title) 准教授 E-Mail
--	---	---	--------------------------------

1. 種別 / Category	統合ゲノミクス共同利用研究 / Collaborative research projects for integrative genomics
2. 課題番号 / Project number	25NIBB446
3. 研究課題名 / Research Project Title	有害赤潮原因種ヘテロカプサの毒性発現機構の解明
4. 所内対応者 / Host Researcher	内山 郁夫
5. 共同利用研究者(敬称略)	・紫加田 知幸：国立研究開発法人水産研究・教育機構 水産技術研究所 グループ長/Tomoyuki Shikata: Fisheries Technology Institute, Japan Fisheries Research and Education Agency, group leader
6. 研究成果の概要及び今後の展望 / Outline of research results and future prospects	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、本種赤潮による貝類のへい死機構の解明に向けた基礎的知見（本種の強毒と弱毒を決定づけ得る遺伝子など）の集積を目的として、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した。本年度は、昨年度までに得られているヘテロカプサの強毒株（10-8ax, Kamoax04）および弱毒株（9-9ax, 10-5, およびHAG）のRNA-seqデータについて、これらを統一して解析する目的でクラスタリングや多次元尺度構成法を実施した。この結果、両手法ともにデータを取得した年によるバッチ効果が大きく、ヘテロカプサ株の毒性の差異で分離することはできなかった。そこで、Surrogate Variable Analysis（SVA）によってバッチ効果を推定・除去して多次元尺度構成法を実施したところ、毒性の違いでサンプルを明確に分離することはできなかったものの、データ取得年によるバッチ効果の除去は確認できた。そこでこのデータを用いてDEG解析（FDR < 0.05）を実施した結果、SVA後のDEG数は、SVA前のDEG数の約2.2倍である5161に増加した。なお、SVAの前後で共通していたDEG数は1967であった。今後は、これらのDEGの推定機能などの詳細について、解析を進める予定である。

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-04-30
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 矢野 諒子 所属機関 (Institute) 水産研究・教育機構 電話 (Phone no.)	部局 (Department) 水産技術研究所環境応用部門環 境保全部 FAX (FAX no.)	職 (Job Title) 任期付研究員 E-Mail
1. 種別 / Category	統合ゲノミクス共同利用研究 / Collaborative research projects for integrative genomics		
2. 課題番号 / Project number	25NIBB447		
3. 研究課題名 / Research Project Title	異なる温度環境における赤潮藻類の遺伝子発現解析		
4. 所内対応者 / Host Researcher	内山 郁夫		
5. 共同利用研究者(敬称略)	・紫加田 知幸：国立研究開発法人水産研究・教育機構水産技術研究所環境・基盤部門環境保全部有害有毒藻類 グループ グループ長／Tomoyuki Shikata: National Research and Development Agency, Japan Fisheries Research and Education Agency, Fisheries Technology Institute, Environmental Conservation Division, Harmful Algal Blooms Group, Group Head		
6. 研究成果の概要及び今後 の展望 / Outline of research results and future prospects	異なる水温条件における有害赤潮藻類の生理応答および種間競争に関わる遺伝子発現解析を行うことを目的と して、渦鞭毛藻 <i>Karenia selliformis</i> および <i>Karenia mikimotoi</i> の培養株を用い、15℃および20℃の水温条件下で単 独培養および混合培養を実施した。培養5日目のサンプルを用いて細胞密度および光合成活性を測定した結果、 単独培養区における両種の細胞密度は20℃条件に比べて15℃条件で低い値を示した。また、光化学系IIの最大 量子収率 (Fv/Fm) はいずれの水温条件でも0.6を上回り、比較的高い光合成活性が維持されていた。一方、混 合培養区における <i>K. mikimotoi</i> の細胞密度は、いずれの水温条件においても単独培養区と比較して有意に低下し た。さらに、同時に回収した細胞ペレットを用いて、二種混合培養試料からも高品質なtotal RNAを抽出・精製 するための手法検討を行った。今後は、得られたRNAサンプルを用いてcDNAライブラリーの作製およびシーケ ンス解析を進め、水温変動や種間競争に関与する遺伝子の発現特性および系統的特徴の解明を進める予定であ る。		

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-05-18
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 吉田 松生 所属機関 (Institute) 基礎生物学研究所 電話 (Phone no.)	部局 (Department) 生殖細胞研究部門 FAX (FAX no.)	職 (Job Title) 教授 E-Mail
--	--	--	-------------------------------

1. 種別 / Category	統合ゲノミクス共同利用研究 / Collaborative research projects for integrative genomics
2. 課題番号 / Project number	25NIBB448
3. 研究課題名 / Research Project Title	マウス生殖細胞の不均一性と系譜動態の網羅的解析
4. 所内対応者 / Host Researcher	重信 秀治
5. 共同利用研究者(敬称略)	・基礎生物学研究所・生殖細胞研究部門 助教 鈴木伸之介 ・基礎生物学研究所・生殖細胞研究部門 特任助教 池田達郎
6. 研究成果の概要及び今後の展望 / Outline of research results and future prospects	マウスの発生において、胎仔に生じた始原生殖細胞（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PacBio社Sequel IIe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。 2025年度はこれまでに取得したバーコードデータおよびそれを説明する数理モデルを統合し、オス生涯の生殖細胞クローン動態を説明する論文を執筆完了した。また、雌雄クローン動態を測定するためのバーコードライブラリ3シーケンス分をシーケンスし、解析を進めた。加えて、バーコード転写マウスを用いた生殖巣PGCsのシングルセルシーケンスライブラリを2セル分シーケンスし、胎仔期のPGCクローン動態と遺伝子発現の関係を解析している。 今後は引き続きシーケンシング・データ解析を行い、雌雄による生殖細胞クローン動態の違い、およびPGCsのクローンと関連した遺伝子発現が生じる過程を解析する。また、クローンの不均一な振る舞いにおける関連遺伝子の機能を実験的に検証する。 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。 2025年度は、前年度までに取得した単一細胞トランスクリプトームデータの解析を行った。これは海外共同研究者Ben Simons博士との共同研究であり、新規の手法の開発や、別途行なっている空間トランスクリプトーム情報と組み合わせることで、細胞周期や精細管周期と関連した精子幹細胞の状態転換の動態が明らかとなってきた。

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-04-30
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 伊福 健太郎 所属機関 (Institute) 京都大学 電話 (Phone no.)	部局 (Department) 大学院農学研究科 FAX (FAX no.)	職 (Job Title) 教授 E-Mail
1. 種別 / Category	統合ゲノミクス共同利用研究 / Collaborative research projects for integrative genomics		
2. 課題番号 / Project number	25NIBB449		
3. 研究課題名 / Research Project Title	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		
4. 所内対応者 / Host Researcher	内山 郁夫		
5. 共同利用研究者(敬称略)	伊福健太郎：京都大学大学院農学研究科 教授／Kentaro IFUKU: Kyoto University, graduate school of agriculture, professor 内山 郁夫：基礎生物学研究所 准教授／Ikuo UCHIYAMA: NIBB, associate professor 中村 翠：京都大学大学院農学研究科 大学院生／Kyoto University, graduate school of agriculture, graduate student 熊沢 稔：北海道大学 低温科学研究所 博士研究員／Hokkaido University, institute of low temperature science, post doctoral researcher		
6. 研究成果の概要及び今後の展望 / Outline of research results and future prospects	1) 昨年度までの共同利用研究で公開したデータベースChaetoBaseはv1.1であり、広く利用されている。今年度は、これをPacBio Sequelを用いたロングリードデータを用いて新しくアッセンブルされたゲノム配列情報に置き換え、データベースをv2.1に更新する準備を進めた。内山博士らが新しくアッセンブルされたゲノムに対する遺伝子予測を終え、それを公共のデータベース（DDBJ）に登録する作業を完了し、公開した。公開したデータは、キートセロス属のゲノム情報に関する国際コンソーシアムと共有し、より包括的なデータベース構築への議論を進める予定である。 2) 実験室内、および屋外条件含む様々な環境で培養した珪藻細胞からmRNAを抽出し、RNA-Seqを行った。上記で新しく得られたツノケイソウの予測遺伝子に対し、我々のRNA-Seqデータの貼り付けを行い、各々のmRNA発現量を解析した。今後は、それらのデータが比較できるように、Webサイトを更新するための準備を進める。 3) 上記の解析をもとに、C. gracilisゲノム解析の新たな論文を作成する方針を策定した。共著論文を次年度中に投稿予定である。		

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-06-17
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 今井 亮介 所属機関 (Institute) 森林総合研究所 電話 (Phone no.)	部局 (Department) 樹木分子遺伝領域 FAX (FAX no.)	職 (Job Title) 主任研究員 E-Mail
--	---	--	----------------------------------

1. 種別 / Category	統合ゲノミクス共同利用研究 / Collaborative research projects for integrative genomics
2. 課題番号 / Project number	25NIBB450
3. 研究課題名 / Research Project Title	スギのGenomic landscapeの解明
4. 所内対応者 / Host Reseacher	重信 秀治
5. 共同利用研究者(敬称略)	該当なし
6. 研究成果の概要及び今後の展望 / Outline of research results and future prospects	本年度は前年度のシーケンスデータを用いてスギの組換え率を染色体に沿ってマップした(添付ファイル参照)。また、被子植物では組換え率は遺伝子密度との相関があることが知られている。これは遺伝子間の組換えによりアリの組み合わせパターンをふやすためであると考えられている。スギで遺伝子密度との相関を調べたところ、相関係数 $r=0.157$ と被子植物（0.3~0.6）より相関が低いことが明らかになった。これにより、スギでは被子植物に比べて組換え率の制御が単純である、または組換え率の制御の戦略が異なることが示唆された。

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-04-12
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 山西 芳裕 所属機関 (Institute) 名古屋大学 電話 (Phone no.)	部局 (Department) 大学院情報学研究科 FAX (FAX no.)	職 (Job Title) 教授 E-Mail
--	---	---	-------------------------------

1. 種別 / Category	統合ゲノミクス共同利用研究 / Collaborative research projects for integrative genomics
2. 課題番号 / Project number	25NIBB451
3. 研究課題名 / Research Project Title	ケミカルゲノミクス情報を活用した疾患関連データベースの構築
4. 所内対応者 / Host Researcher	内山 郁夫
5. 共同利用研究者(敬称略)	澤田 隆介：岡山大学学術研究院医歯薬学域 助教（２０２５年１１月より、名古屋大学糖鎖生命コア研究所 特任准教授として異動）
6. 研究成果の概要及び今後の展望 / Outline of research results and future prospects	漢方薬、生薬及びその成分化合物と標的タンパク質の情報から、これらの階層関係を整備した。漢方薬の成分化合物とヒトタンパク質との相互作用を、生薬の成分割合などの漢方薬成分の階層構造にもとづいて漢方薬ごとにまとめた。漢方薬の成分化合物が標的とするタンパク質群の分子機能や、タンパク質群が連動して働くパスウェイを検証した。具体的には、漢方薬の各成分化合物が強く結合すると推定された全てのタンパク質を分子機能オントロジー（Gene Ontologyなど）やパスウェイ（KEGG Pathwayなど）にマッピングし、パスウェイエンリッチメント解析を行った。疾患の発症や悪化に関与する分子パスウェイと比較することにより、漢方薬の潜在的な適応可能疾患を予測して、それらを整備した。これらの情報を統合して、データベース化していく予定である。漢方薬のデータベースとして、MedicalHerbChefを構築し、公開予定である。 疾患と治療標的タンパク質との関係のデータを収集した。特定の疾患を治療するためにはどのようなタンパク質の機能を阻害すべきか、もしくは活性化すべきかを考慮し、疾患・タンパク質ペアを区別して収集し、整備した。論文や臨床報告書などから科学的エビデンスのある情報、書籍や文献などから疾患とその治療標的となるタンパク質の情報を収集して、整備した。約５５００種類の疾患と治療標的タンパク質の関係を収集することができた。これらの情報を統合して、データベース化していく予定である。疾患治療標的分子のデータベースとして、DATTsを構築し、公開予定である。

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-03-31
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 大場 裕一 所属機関 (Institute) 中部大学 電話 (Phone no.)	部局 (Department) 応用生物学部 FAX (FAX no.)	職 (Job Title) 教授 E-Mail
--	--	--	-------------------------------

1. 種別 / Category	統合ゲノミクス共同利用研究 / Collaborative research projects for integrative genomics
2. 課題番号 / Project number	25NIBB452
3. 研究課題名 / Research Project Title	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
4. 所内対応者 / Host Researcher	重信 秀治
5. 共同利用研究者(敬称略)	山口勝司：基礎生物学研究所トランスオミクス解析室 技術職員 別所-上原学：東北大学 特任助教 加藤まりあ：名古屋大学 博士後期課程2年
6. 研究成果の概要及び今後の展望 / Outline of research results and future prospects	今年度はメタボロミクスのアプローチに専心したが難航した。ホタルルシフェリンの生合成を解明する鍵中間体と考えられるベンゾチアゾールアミドを安定同位体ラベルしてヘイケボタルのサナギ生体に取り込ませてからメタボライトを分析すると、ホタルルシフェリンに同位体の取り込みが認められる場合と認められない場合があった。インジェクトする濃度を変えたりもう一つの生合成材料であるシステインを加えたりさまざまな条件を試みたが、うまく再現性が取れなかった。今後は安定した取り込み条件のさらなる検討を試みたい。とくに、取り込み実験に用いるサナギのステージが重要なのではないかという感触を得ているので、（幼虫期や成虫期への取り込み実験も含めて）この点を重点的に検討する予定である。再現性さえ取れば、論文にすることができると期待している。

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-06-01
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 長谷部 光泰 所属機関 (Institute) 基礎生物学研究所 電話 (Phone no.)	部局 (Department) 生物進化研究部門 FAX (FAX no.)	職 (Job Title) 教授 E-Mail
--	---	--	-------------------------------

1. 種別 / Category	統合ゲノミクス共同利用研究 / Collaborative research projects for integrative genomics
2. 課題番号 / Project number	25NIBB454
3. 研究課題名 / Research Project Title	食虫植物ハエトリソウとモウセンゴケにおけるゲノム解析およびトランスクリプトーム解析
4. 所内対応者 / Host Reseacher	重信 秀治
5. 共同利用研究者(敬称略)	Liechi Zhang：自然科学研究機構 基礎生物学研究所 特任助教 瀬上紹嗣：自然科学研究機構 基礎生物学研究所 助教
6. 研究成果の概要及び今後の 展望 / Outline of research results and future prospects	ハエトリソウ、モウセンゴケのゲノム解読、遺伝子アノテーション、トランスクリプトーム解析について、重信教授らと議論しながら、論文投稿のための準備を行った。

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-04-06
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): テイ シャク 所属機関 (Institute) 東京科学大学 電話 (Phone no.)	部局 (Department) 環境社会理工学院 FAX (FAX no.)	職 (Job Title) 助教 E-Mail
--	---	--	-------------------------------

1. 種別 / Category	統合ゲノミクス共同利用研究 / Collaborative research projects for integrative genomics
2. 課題番号 / Project number	25NIBB455
3. 研究課題名 / Research Project Title	Multi-level toxicity assessment of tire and wear particles (TWPs) on rice field ecosystems
4. 所内対応者 / Host Researcher	吉田 拓也
5. 共同利用研究者(敬称略)	テイ シャク : 東京科学大学 助教
6. 研究成果の概要及び今後の展望 / Outline of research results and future prospects	-

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-04-10
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 郷 康広 所属機関 (Institute) 生命創成探究センター 電話 (Phone no.)	部局 (Department) 認知ゲノム研究グループ FAX (FAX no.)	職 (Job Title) 教授 E-Mail
--	---	---	-------------------------------

1. 種別 / Category	統合ゲノミクス共同利用研究 / Collaborative research projects for integrative genomics
2. 課題番号 / Project number	25NIBB456
3. 研究課題名 / Research Project Title	ヒトと霊長類の脳における完全長シングルセル遺伝子発現解析
4. 所内対応者 / Host Researcher	重信 秀治
5. 共同利用研究者(敬称略)	・ 山口 勝司：基礎生物学研究所トランスオミクス解析室 主任技術員
6. 研究成果の概要及び今後の展望 / Outline of research results and future prospects	本研究は、「ヒトとは何か」という根源的課題に対し、ヒト単独ではなくヒト以外の生物（アウトグループ）との比較に基づく視点からアプローチするものである。特に、ヒトを特徴づける主要な要素である脳の進化に着目し、その分子基盤の解明を目的とした。 本研究では、ヒトおよび最も近縁な種であるチンパンジーを含む類人猿を対象とし、ゲノム情報が脳においてどのように時空間的に制御され、種特異的な表現型として発現するのかを明らかにすることを目指した。そのため、単一細胞レベルでの分子情報を網羅的に取得し、種間比較解析を実施することで、ヒト特異性の本質に迫ることを試みた。 令和7年度においては、ヒト（4検体）、チンパンジー（6個体）、ゴリラ（2個体）、オランウータン（1個体）、テナガザル（2個体）の前頭前野を対象として解析を実施した。各検体から単離した細胞核を用い、同一細胞由来の情報として、短鎖型遺伝子発現解析（single-nucleus RNA-seq）、長鎖型完全長アイソフォーム解析（single-nucleus full-length isoform-seq）、ならびにクロマチンアクセシビリティ解析（single-nucleus ATAC-seq）を組み合わせた三層オミックス解析を、約18万細胞規模で取得した。 現在、これらのデータについて統合的な解析を進めており、今後は多層オミックスデータの統合解析を通じて、ヒト特異的な脳神経機能の分子基盤の解明を進める予定である。

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-04-30
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 千葉 啓和 所属機関 (Institute) 情報・システム研究機構 電話 (Phone no.)	部局 (Department) ライフサイエンス統合データ ベースセンター FAX (FAX no.)	職 (Job Title) 特任助教 E-Mail
--	---	--	-------------------------------------

1. 種別 / Category	統合ゲノミクス共同利用研究 / Collaborative research projects for integrative genomics
2. 課題番号 / Project number	25NIBB457
3. 研究課題名 / Research Project Title	オーソログ分類パイプラインの再利用性を高めるワークフロー化
4. 所内対応者 / Host Researcher	内山 郁夫
5. 共同利用研究者(敬称略)	該当なし
6. 研究成果の概要及び今後の展望 / Outline of research results and future prospects	オーソログ分類パイプラインに関して、高速化の工夫とともに、開発した環境以外でも動くよう再利用性を高める修正を継続してきた。新しい環境を含め、複数の環境で動作することを確認した。しかしながら、複雑な結果が得られた場合にそれをどのように解釈するかは依然として難しい課題である。特にシグナル伝達系の遺伝子において、複雑なドメイン融合パターンが検出されることが分かっているが、このような例を題材として取り上げ、オーソログドメインとPfamモチーフとの関係性をあらためて取得し直し、ドメイン融合パターンを整理して提示するプログラムを追加した。本年度は、これらの結果に関してどのように発表するかという点を中心に議論を行なった。

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-04-26
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 金子 雅幸	部局 (Department) 大学院医歯薬学総合研究科 創 薬薬理学 FAX (FAX no.)	職 (Job Title) 教授 E-Mail
	所属機関 (Institute) 長崎大学		
	電話 (Phone no.)		

1. 種別 / Category	統合ゲノミクス共同利用研究 / Collaborative research projects for integrative genomics
2. 課題番号 / Project number	25NIBB458
3. 研究課題名 / Research Project Title	ユビキチンリガーゼに着目した生体機能の解析
4. 所内対応者 / Host Researcher	吉田 拓也
5. 共同利用研究者(敬称略)	・ 吉田 拓也：基礎生物学研究所 超階層生物学センター トランスオミクス解析室 特任准教授 ・ 牧野 由美子：基礎生物学研究所 超階層生物学センター トランスオミクス解析室 技術職員 ・ 金子 雅幸：長崎大学大学院医歯薬学総合研究科（薬学系） 教授 ・ 松久 幸司：長崎大学大学院医歯薬学総合研究科（薬学系） 准教授 ・ 佐藤 伸哉：長崎大学大学院医歯薬学総合研究科（薬学系） 助教
6. 研究成果の概要及び今後の展望 / Outline of research results and future prospects	ユビキチンリガーゼは基質をポリユビキチン化することでプロテアソーム分解へと導くだけでなく、エンドサイトーシス・リソソーム分解の誘導や標的分子の活性調節などを介して多岐にわたる生命現象に関与している。近年では標的タンパク質分解誘導化合物（PROTAC）に利用することで創薬への応用も行われている。本共同研究課題では近位ビオチン標識法を駆使してユビキチンリガーゼの基質や相互作用分子の探索、基質近傍に存在しPROTACへの応用に適したユビキチンリガーゼの探索を行っている。 本年度は、1)ユビキチンリガーゼRnf183にビオチン化酵素BiolD2をノックインしたマウスの腎臓サンプルから回収したビオチン化タンパク質を質量分析により解析し、Rnf183の生理的基質の同定を試みた。その結果、アミノ酸トランスポーター調節因子4F2hcをはじめ複数のタンパク質を同定した。2) ユビキチンリガーゼHRD1のC末端側にあるプロリンリッチ領域に相互作用する候補分子を、近位ビオチン標識法により複数同定した。その中には小胞体関連タンパク質や細胞質シャペロンが複数認められた。3) 癌細胞に発現し増殖に関与する上皮由来成長因子受容体（EGFR）の近傍に存在するユビキチンリガーゼの同定を近位ビオチン標識法により試みた。その結果、ユビキチンリガーゼ1種を同定し、EGFR分解を誘導するPROTACに有用である可能性が示唆された。 今後は免疫沈降法などの手法により得られた結果を検証しながら、サンプル調製の最適化によりさらなる候補分子の取得を目指す。さらにはPD-L1やYAPなど他のPROTAC標的候補分子についても近傍に存在するユビキチンリガーゼの同定を進める予定である。

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-04-28
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 堀越 正美 所属機関 (Institute) 武蔵大学 電話 (Phone no.)	部局 (Department) リベラルアーツアンドサイエン ス教育センター学部 FAX (FAX no.)	職 (Job Title) 非常勤講師 E-Mail
--	--	---	--------------------------------------

1. 種別 / Category	統合ゲノミクス共同利用研究 / Collaborative research projects for integrative genomics
2. 課題番号 / Project number	25NIBB459
3. 研究課題名 / Research Project Title	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
4. 所内対応者 / Host Researcher	内山 郁夫
5. 共同利用研究者(敬称略)	該当なし
6. 研究成果の概要及び今後の 展望 / Outline of research results and future prospects	基礎生物学研究所の内山先生との共同研究は、研究代表者である堀越自身が単離した転写開始因子TBP/TFIIB内に存在するDirect Repeat(DR)領域(Nature 1989、PNAS 1991)を用いて、真正細菌の機能的類似因子である転写開始因子σとの進化的関連性を長年注目しながらも、絶えず興味を持ち、議論を続けてきた研究者との共同作業によって、DR間のアミノ酸配列の違いに着目しての新しい進化指標dDRを設定し、分子進化指標として分子進化解析を始めたことに遡る。それまでの進化指標dは、幾つかの欠点があったが、dDRは、それらの欠点を排除できる進化指標になったが、DR含有因子(DRP)にしか適用できない欠点があった。しかしながら、細胞内で多岐にわたる働くRNA、RNAから引き続き生産される細胞の動きを決定的に左右するタンパク質を生み出す転写開始因子群の中でもプロモーター領域に結合して、どの遺伝子を読み取ることを最終的に決定する因子であるTBP、RNApolymeraseIIに相互作用する因子TFIIBの機能を考慮すると、σからTBP/TFIIBへの分子進化的変遷は、機構進化・システム進化を引き起こすのではないかと考え、解析を行い、その推論が正しいと証明した(Sci.Rep.2016、Cell.Rep.2017)。その結果は、遺伝子制御の仕組みが、細胞の増殖、発生、分化等々を担うことを想定すると考えれば、TBP/TFIIBの動きは、細胞機能の決定や多細胞化、引いては、真核生物の4界の出現にまで決定的な役割を果たしていると考えた。誰もが考えを持ったことのない前例のない発想だった。そこで、その独創性を生かすためには、当時、想像性に欠けたゲノム解析が世界的に進められているのを利用して、堀越は、東大医科研の中井先生に連絡を取り、進化的にゲノムデータベースを利用して、真正細菌を用いた解析を行っている基礎生物学研究所の内山先生を紹介して頂いた。その結果、時間を要したものの、様々な結果が得られたので、現在、所内研究者である内山先生は、ゲノムデータベースから得られた進化的解析結果を共同研究として論文を執筆中です。また、研究代表者である堀越は、生化学・分子生物学による解析結果を共同研究として論文を執筆中です。

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-05-03
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 李 允求 所属機関 (Institute) 学習院大学 電話 (Phone no.)	部局 (Department) 理学部 FAX (FAX no.)	職 (Job Title) 助教 E-Mail
--	--	---	-------------------------------

1. 種別 / Category	統合ゲノミクス共同利用研究 / Collaborative research projects for integrative genomics
2. 課題番号 / Project number	25NIBB460
3. 研究課題名 / Research Project Title	野蚕のT2T genome assembly構築の試み
4. 所内対応者 / Host Researcher	重信 秀治
5. 共同利用研究者(敬称略)	嶋田 透：学習院大学理学部 教授
6. 研究成果の概要及び今後の展望 / Outline of research results and future prospects	当初の予定通り、エリサン、柞蚕、天蚕の3種のT2Tゲノムアセンブリの構築を目標として、Oxford Nanopore technologies P2 soloにてデータ取得をおこなった。ライブラリーの構築には、SQK-ULK114キットを使用した。エリサンでは約57x、柞蚕では約32x、天蚕では約64xのカバレッジでデータを取得することができた。このデータと、課題代表者が事前に取得していたPacBio HiFiリードデータを合わせて、エリサンと柞蚕ではT2Tのゲノムアセンブリ、天蚕も、第29染色体を除いてT2Tのゲノムアセンブリを構築することができた（天蚕の第29染色体についても、末端にかけて（TTAGG）nのテロメアリポートが密度が増加していくことは確認しており、QuarTeTなどのテロメア予測ソフトウェア上では全染色体T2Tと判定される）。 しかしながら、第二の目標として掲げていた、「W染色体のアセンブリ」を達成することはできなかった。鱗翅目昆虫のモデル生物であるカイコのW染色体のアセンブリにおいては、SQK-ULK114で調製したサンプルに由来するデータで、W染色体の断片をアセンブリすることができたが（Leeら、未発表）、柞蚕・天蚕両種においては、その断片すらアセンブリすることができなかった。この結果は、上記2種のW染色体が、カイコのW染色体よりも複雑かつ、常染色体やZ染色体上の反復配列と類似していることを示唆している。 今後は、まず常染色体とZ染色体のアセンブリを公開、論文として発表することを目指す。論文化と同時並行しながら、さらにデータを追加して、W染色体のT2Tアセンブリを目指す予定である。

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-05-01
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 前田 太郎 所属機関 (Institute) 慶應大学 電話 (Phone no.)	部局 (Department) 先端生命科学研究所 FAX (FAX no.)	職 (Job Title) 特任助教 E-Mail
--	--	---	---------------------------------

1. 種別 / Category	統合ゲノミクス共同利用研究 / Collaborative research projects for integrative genomics
2. 課題番号 / Project number	25NIBB461
3. 研究課題名 / Research Project Title	空間メタボローム解析による盗葉緑体現象関連小分子の探索
4. 所内対応者 / Host Reseacher	吉田 拓也
5. 共同利用研究者(敬称略)	該当なし
6. 研究成果の概要及び今後の展望 / Outline of research results and future prospects	本申請課題に関連し、空間メタボローム解析を盗葉緑体現象研究へ適用するための打合せを実施した。また空間オミクス解析用のサンプル（凍結スライド）作成を実施した。囊舌目ウミウシにおける葉緑体長期維持機構（KRM）の解明には、宿主-盗葉緑体界面における低分子代謝物の空間的局在情報が不可欠である一方、従来のバルク解析ではこの空間情報が失われるという課題があった。打合せでは、対象組織（消化管憩室上皮および隣接結合組織）、想定される検出対象（光合成産物、抗酸化物質、シグナル小分子、宿主由来制御因子候補）、ならびに測定プラットフォームと前処理プロトコルの選定について意見交換を行い、サンプル調製から解析までの実施体制の枠組みを確認した。

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-05-01
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 石川 由希 所属機関 (Institute) 名古屋大学 電話 (Phone no.)	部局 (Department) 大学院理学研究科 FAX (FAX no.)	職 (Job Title) 講師 E-Mail
--	---	--	-------------------------------

1. 種別 / Category	統合ゲノミクス共同利用研究 / Collaborative research projects for integrative genomics
2. 課題番号 / Project number	25NIBB462
3. 研究課題名 / Research Project Title	行動進化を理解するためのショウジョウバエの全脳シングルセルトランスクリプトーム種間比較
4. 所内対応者 / Host Researcher	重信 秀治
5. 共同利用研究者(敬称略)	中村 真希
6. 研究成果の概要及び今後の展望 / Outline of research results and future prospects	本研究では、種特異的な行動を生み出す脳全体の細胞構成や遺伝子発現の種間差を明らかにするために、近縁種間で脳のシングルセルトランスクリプトームを比較した。解析対象として、神経科学や遺伝学のモデル生物であるキイロショウジョウバエ（キイロ）と姉妹種オナジショウジョウバエ（オナジ）を用いた。これら2種は、生息環境や代謝機能、性行動に種固有の性質がみられることから、脳の細胞構成や遺伝子発現にも種間差があることが期待される。まず、種間比較の精度を上げるために、公開されているリファレンスゲノム情報を整備した。次に、シングル核(sn)RNA-seq データをクラスタリングして、細胞タイプを推定し、細胞構成を調べた。さらに細胞タイプごとに遺伝子発現を種間比較し、GO解析により、どのような機能の遺伝子に種間差があるかを明らかにした。 peaks2utrを用いた再アノテーションによって種間の3'UTR長の比が1に近い遺伝子数が増加した。この3'UTR長の種間差が改善されたリファレンスゲノムを用いることで、より正確な遺伝子発現量の種間比較が可能となった。 キイロ 57,164個、オナジ 49,766個の核データが得られ、39のクラスターに分けられた。そこからケニヨン細胞やグリア細胞、嗅覚投射ニューロンなど7クラスターの細胞タイプが推定できた。各クラスターの細胞数の割合種間を調べると9/39クラスターで統計的に有意な種間差が検出された。特にキイロではグリアや嗅覚投射ニューロンの割合が高く、一方オナジではαβケニヨン細胞の割合が多かった。 全てのクラスターで約1000～2000個のDEGが検出された。GOエンリッチメント解析の結果、学習に関与するαβケニヨン細胞では、 神経伝達や応答性に関する機能、匂いの情報を高次に伝える嗅覚投射ニューロンでは、記憶、刺激応答、神経伝達物質の受容に関する機能に種間差が見られた。 現在私たちは、果実食性であるとキイロと約1300万年前に分化し、花食性と訪花性を獲得したカザリショウジョウバエに着目した研究を進めており、今後シングルセルRNA-seqライブラリを作製する予定である。本研究で整備された解析スキームをここに適用することで、独特の訪花生態と花を認識する能力の背景にある神経機構を明らかにする。

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-04-03
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 田中 暢明 所属機関 (Institute) 北海道大学 電話 (Phone no.)	部局 (Department) 理学研究院 FAX (FAX no.)	職 (Job Title) 准教授 E-Mail
--	---	---	--------------------------------

1. 種別 / Category	統合ゲノミクス共同利用研究 / Collaborative research projects for integrative genomics
2. 課題番号 / Project number	25NIBB463
3. 研究課題名 / Research Project Title	キイロショウジョウバエの飢餓耐性遺伝に関する超階層的解析
4. 所内対応者 / Host Researcher	重信 秀治
5. 共同利用研究者(敬称略)	山島夏月美：北海道大学生命科学院 大学院生 / Natsumi Yamashima: Hokkaido University, Graduate School of Life Science
6. 研究成果の概要及び今後の 展望 / Outline of research results and future prospects	2024年度の共同研究で、飢餓耐性をもつショウジョウバエ系統（①）と持たないショウジョウバエ系統（②）、および飢餓耐性をもつ系統（①）を持たない系統（②）で戻し交配を繰り返しおこなって得られた個体群のうち比較的強い飢餓耐性を示した個体（③）と飢餓耐性を示さなかった個体群（④）のそれぞれからゲノムを抽出し、その配列をよんだ。2025年度はそれらの配列を用いて、QTL解析を行い、飢餓耐性と関連したゲノム領域を明らかにすることができた。またさらにそのゲノム領域を限局するために、異なる条件の戻し交配を行って、より強い飢餓耐性を示す戻し交配個体集団を作成し直し、ゲノムDNAを精製したところである。2026年度は再びQTL解析を行うことで、飢餓耐性遺伝子候補を同定し、その遺伝子の機能解析を行う予定である。

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-04-07
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 太治 輝昭 所属機関 (Institute) 東京農業大学 電話 (Phone no.)	部局 (Department) 生命科学部バイオサイエンス学 科 FAX (FAX no.)	職 (Job Title) 教授 E-Mail
--	--	---	-------------------------------

1. 種別 / Category	統合ゲノミクス共同利用研究 / Collaborative research projects for integrative genomics
2. 課題番号 / Project number	25NIBB464
3. 研究課題名 / Research Project Title	シロイヌナズナの長期高温ストレス応答に関する研究
4. 所内対応者 / Host Researcher	吉田 拓也
5. 共同利用研究者(敬称略)	太治輝昭：東京農業大学生命科学部バイオサイエンス学科 教授 野菅梨々香：東京農業大学大学院生命科学研究科 大学院生 木下暖斗：東京農業大学大学院生命科学研究科 大学院生
6. 研究成果の概要及び今後の 展望 / Outline of research results and future prospects	本研究課題ではシロイヌナズナ長期高温耐性欠損変異株sloh7に生じるプロテオームの変化を捉えることを目指し、無処理と高温処理した野生株とsloh7変異株からそれぞれ葉緑体を回収し、タンパク質を抽出してプロテオーム解析に供することで、核コードタンパク質、および葉緑体コードタンパク質の変化をそれぞれ比較することを目的とした。シロイヌナズナの野生株とsloh7変異株からそれぞれプロテオームに供するための十分な葉緑体の回収を目指したが、2025年度中に必要量を整えるに至らなかった。大きな問題点としては申請者らが葉緑体を回収することに不慣れであったことに尽きるが、様々な条件検討の結果、葉緑体の回収方法について目処が立ち始めた。 今後は、回収した葉緑体から、基礎生物学研究所の吉田特任准教授のアドバイスに従い、タンパク質抽出、ペプチド精製を行う。このペプチドサンプルを基礎生物学研究所に送り、プロテオーム解析の実施をお願いする。 プロテオーム解析結果について、核コードタンパク質、および葉緑体コードタンパク質に分けて、野生株とsloh7株との違いを比較する。

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-04-28
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 黒田 玲子 所属機関 (Institute) 中部大学 電話 (Phone no.)	部局 (Department) 先端研究センター FAX (FAX no.)	職 (Job Title) 卓越教授 E-Mail
--	--	--	---------------------------------

1. 種別 / Category	統合ゲノミクス共同利用研究 / Collaborative research projects for integrative genomics
2. 課題番号 / Project number	25NIBB465
3. 研究課題名 / Research Project Title	中間宿主をターゲットとした感染症のゲノム研究
4. 所内対応者 / Host Reseacher	重信 秀治
5. 共同利用研究者(敬称略)	・ 内田孝幸：中部大学先端研究センター 特任講師/ Takayuki Uchida: Chubu University, Frontier Research Institute ・ 畠山明子：中部大学先端研究センター 研究員/ Akiko Hatakeyama: Chubu University, Frontier Research Institute
6. 研究成果の概要及び今後の展望 / Outline of research results and future prospects	住血吸虫は、種特異的な淡水産巻貝を中間宿主としてその中で変態し、ヒトに感染するセルカリア幼生となって貝から遊出する。マンスン住血吸虫(S. mansoni)の特異的中间宿主である巻貝Biomphalaria glabrataには、感受性系統(M-line)以外に、少数の感染耐性(BS-90)系統が天然に棲息している。我々は感染耐性に関するF7世代までのコンジェニック系統作成に成功しており、耐性系統と感受性系統から良質のDNAを抽出することができ、ロングリードおよびショートリードシーケンスを得た。今後、データ解析を行い、耐性獲得の候補遺伝子を絞り込む予定である。

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-04-30
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 浅岡 洋一 所属機関 (Institute) 山口大学 電話 (Phone no.)	部局 (Department) 大学院医学系研究科 FAX (FAX no.)	職 (Job Title) 准教授 E-Mail
--	--	---	--------------------------------

1. 種別 / Category	統合ゲノミクス共同利用研究 / Collaborative research projects for integrative genomics
2. 課題番号 / Project number	25NIBB466
3. 研究課題名 / Research Project Title	カプトクラゲYAP遺伝子の機能解析
4. 所内対応者 / Host Researcher	重信 秀治
5. 共同利用研究者(敬称略)	浅岡 洋一：山口大学大学院医学系研究科 准教授 清水 誠：山口大学大学院医学系研究科 教授
6. 研究成果の概要及び今後の展望 / Outline of research results and future prospects	カプトクラゲのYAPノックダウン胚(10個体X 3 サンプル)およびコントロール胚(10個体X 3 サンプル)を準備し、Total RNAの抽出を実施した。その後、RNAサンプルを所内対応者の重信先生のもとへ送付し、RNAサンプルの品質チェックを実施して頂き、RNAサンプルの品質がライブラリー作製可能な品質であることを確認した。ただしRNAサンプルは微量で、イルミナ純正のTruSeqに十分な量・濃度に達していないため、微量対応のRNA-seqライブラリー作成法(TaKaRaのSMART-Seq mRNA HT法)を用いることにした。具体的には、基生研チームにライブラリー作製の工程を実施頂き、シーケンスデータの取得後、重信先生が既にお持ちのカプトクラゲのシーケンスデータを利用し、YAPノックダウン胚において有意に発現変動を示す遺伝子群を見出した。今後、カプトクラゲYAPの新規標的遺伝子の解析ならびに転写因子の解析を行う予定である。

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-05-09
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 黒森 崇 所属機関 (Institute) 青山学院大学 電話 (Phone no.)	部局 (Department) 理工学部 FAX (FAX no.)	職 (Job Title) 非常勤講師 E-Mail
--	---	--	----------------------------------

1. 種別 / Category	統合ゲノミクス共同利用研究 / Collaborative research projects for integrative genomics
2. 課題番号 / Project number	25NIBB467
3. 研究課題名 / Research Project Title	植物の水分ストレス組織間ネットワークの解明
4. 所内対応者 / Host Researcher	吉田 拓也
5. 共同利用研究者(敬称略)	該当なし
6. 研究成果の概要及び今後の 展望 / Outline of research results and future prospects	トランスオミクス解析室にある機器を共同利用させて頂き、植物の水分ストレスシグナル分子の時空間的な解析を開始した。引き続き、測定条件の検討を進める予定である。

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-04-13
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 伊藤 秀臣 所属機関 (Institute) 北海道大学 電話 (Phone no.)	部局 (Department) 理学研究院 FAX (FAX no.)	職 (Job Title) 准教授 E-Mail
--	---	---	--------------------------------

1. 種別 / Category	統合ゲノミクス共同利用研究 / Collaborative research projects for integrative genomics
2. 課題番号 / Project number	25NIBB468
3. 研究課題名 / Research Project Title	日本産トウガラシ品種の乾燥ストレス耐性評価
4. 所内対応者 / Host Researcher	重信 秀治
5. 共同利用研究者(敬称略)	・ 重信 秀治：基礎生物学研究所 トランスオミクス解析室 教授 ・ 桐根 一夫：基礎生物学研究所 IBBPセンター RMC准教授 ・ 山口 勝司：基礎生物学研究所 トランスオミクス解析室 主任技術員 ・ RAHMADANI F：北海道大学 大学院生命科学院 修士課程学生
6. 研究成果の概要及び今後の展望 / Outline of research results and future prospects	本研究では、国産トウガラシ品種間における乾燥ストレス応答の違いを、表現型解析、植物ホルモン測定、およびトランスクリプトーム解析により統合的に評価した。乾燥処理により、いずれの品種においても生育抑制が確認されたが、特に根／地上部比の変化において品種間差が顕著に認められ、異なるバイオマス配分戦略が示唆された。また、アブシシン酸（ABA）は乾燥条件下で増加したものの、その蓄積量は品種間差を十分に説明する要因ではなかった。一方、RNA-seq解析により、乾燥応答は基本的には共通の転写プログラムに基づくことが明らかとなったが、その制御の程度や影響を受ける遺伝子群に違いが存在することが示された。特に、一部の遺伝子群において品種依存的な応答が確認され、乾燥耐性に関わる制御機構の差異が示唆された。これらの結果から、トウガラシにおける乾燥応答の多様性は、異なる経路の有無ではなく、共通の遺伝子ネットワークの制御様式の違いによって生じる可能性が高いことが明らかとなった。今後は、RNA-seqデータを基に乾燥応答に関与する候補遺伝子の同定を進め、RT-qPCRによる検証および機能解析へと展開する予定である。さらに、遺伝子ネットワーク解析を通じて乾燥耐性の分子基盤を体系的に理解し、他作物への応用や育種への展開を目指す。これにより、気候変動に適応した作物開発に資する基盤的知見の創出が期待される。

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-04-28
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 入江 直樹 所属機関 (Institute) 総合研究大学院大学 電話 (Phone no.)	部局 (Department) 統合進化科学研究センター FAX (FAX no.)	職 (Job Title) 教授 E-Mail
1. 種別 / Category	統合ゲノミクス共同利用研究 / Collaborative research projects for integrative genomics		
2. 課題番号 / Project number	25NIBB469		
3. 研究課題名 / Research Project Title	脊椎動物ボディプランの細胞構成と進化的保存に寄与する内部ネットワーク解明		
4. 所内対応者 / Host Researcher	重信 秀治		
5. 共同利用研究者(敬称略)	Jason Leong: 総合研究大学院大学・統合進化科学研究センター ポスドク / Jason Leong: Research Center for Integrative Evolutionary Science, SOKENDAI ウェンシン ゼン: 東京大学大学院理学系研究科生物科学専攻 大学院生 / Wenxin Zeng: The University of Tokyo, Graduate School of Science, Dept. of Biological Sciences, Graduate student.		
6. 研究成果の概要及び今後の展望 / Outline of research results and future prospects	我々脊椎動物の体の中で、脳と頭部・骨格と脊椎・心臓や、胚期にしか現れていない脊索といった共通の解剖学的特徴を有している。しかし、これらの構造のうち、進化の過程で変化しやすいもの、あるいは高度に保存されているものが何であるかは、いまだ十分に解明されていない。その大きな障壁となっているのは、従来の形態比較において各器官が質的に異なっているため直接的な比較が困難であるという点であったが、本研究では各器官が共有する解剖学的な最小単位である細胞レベルでの比較に着目して解決する。本研究は発生実験と大規模シングルセル遺伝子発現情報の解析を統合することで、脊椎動物に共通する解剖学的構造の中で、特に進化ポテンシャル（進化での変化しやすさ）が低い細胞群の特徴を同定することを目的として進めてきた。 そこで本研究では、2種のツメガエル（ネッタイツメガエルおよびアフリカツメガエル）をモデルとし、紫外線擾乱を与えても遺伝子発現のバリエーションが生じにくい細胞種の同定と、それらの進化的保存性への寄与の検証に取り組んだ。本年度はまず、実験条件の検討において大きな進展があった。突然変異を誘発しつつも、その影響が遺伝子発現の変化として現れにくい細胞群を検出したいため、先天奇形を誘発しない範囲での最大紫外線強度を探索した。この際、大量の発生胚を確保する必要があることから、予備検討の結果、本研究にはNH系統よりもNA系統のネッタイツメガエルが最適であるとの結論に至った。これに基づき、紫外線擾乱による遺伝子発現の変化の有無を検証するための全胚由来サンプル（ネッタイツメガエル器官形成期胚Stage 31、サンプルごとにn=20胚、紫外線条件7つ）を取得した。また、シングルセル実験のための細胞核抽出手法の検討済みであり、次年度にシーケンシングを実施予定である。そのため、2026年度には共同研究の再申請を予定している。 また、解析手法においても重要な進展が得られた。シングルセル遺伝子発現データでは欠損値やゼロデータが多いため種間比較における課題が大きかったが、本年度には細胞種レベルでの比較に有効な解析手法を見出した。これにより、進化的に保存されている細胞種で発現している遺伝子群、およびその生物学的なネットワーク構造を抽出する手法をプロトタイプとして確立した。本手法は、本研究の基盤となる成果（先行課題）として現在論文を執筆中であり、2026年度前半の投稿を予定している。確立した手法は、本課題の解析にも即座に応用できる見込みである。		

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-04-30
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 竹本 訓彦 所属機関 (Institute) 国立国際医療研究センター 電話 (Phone no.)	部局 (Department) 感染症制御研究部 FAX (FAX no.)	職 (Job Title) 上級研究員 E-Mail
--	--	--	----------------------------------

1. 種別 / Category	統合ゲノミクス共同利用研究 / Collaborative research projects for integrative genomics
2. 課題番号 / Project number	25NIBB470
3. 研究課題名 / Research Project Title	高分解能を備えた新規変異率測定法の開発
4. 所内対応者 / Host Researcher	内山 郁夫
5. 共同利用研究者(敬称略)	該当なし
6. 研究成果の概要及び今後の展望 / Outline of research results and future prospects	これまでの解析から、従来法において高変異率を示す株で多くの変異前駆体が発見されること、野生型においてはtransition変異の割合が高い事など、定性的には予想通りの結果が得られていたが、2024年に本研究と同様の手法を用いた論文がNature誌に報告された。Nature誌の報告では比較的変異率の高い細胞での解析結果で良好な解析精度があることが示されていたが、我々の解析では変異率が高い菌株では良好な結果が得られる一方で、変異率の極めて低い野生株において、変異率から予想されるよりも多くの変異前駆体が発見された。変異のパターンから、これらの原因がNature誌の報告でも問題となっていたライブラリ調製過程で生じるアーティファクトである可能性が高く、報告されている手法を用いても、アーティファクトと考えられるデータを完全に除くことは困難であった。

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-04-14
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 富永 真琴	部局 (Department)	職 (Job Title)
	所属機関 (Institute) 名古屋市立大学	なごや先端研究開発センター 温度生物学研究室 FAX (FAX no.)	特任教授 E-Mail
電話 (Phone no.)			

1. 種別 / Category	統合ゲノミクス共同利用研究 / Collaborative research projects for integrative genomics
2. 課題番号 / Project number	25NIBB471
3. 研究課題名 / Research Project Title	蚊唾液中のシアロルフィンの検出
4. 所内対応者 / Host Researcher	吉田 拓也
5. 共同利用研究者(敬称略)	・ 富永 真琴：名古屋市立大学 なごや先端研究開発センター温度生物学研究室 特任教授/ Makoto Tominaga: Nagoya City University, Nagoya Advanced Research and Development Center, Thermal Biology Research Group, Specially Appointed Professor ・ 大島 絵莉：名古屋市立大学 なごや先端研究開発センター温度生物学研究室 博士研究員/ Eri Oshima: Nagoya City University, Nagoya Advanced Research and Development Center, Thermal Biology Research Group, Postdoctoral Research Fellow
6. 研究成果の概要及び今後の展望 / Outline of research results and future prospects	アカイエカの唾液希釈液がHEK293T細胞に発現させたヒトTRPV1, TRPA1のそれぞれカプサイシン, AITCにより活性化された電流を有意に抑制することを観察した。アカイエカ唾液は、TRPV1よりTRPA1の電流をより強く抑制した。メスのアカイエカ唾液によるTRPA1電流の抑制効果の方が、オスのアカイエカ唾液による抑制効果より大きかった。これは、アカイエカのメスのみが吸血する事実と合致しており、アカイエカ唾液によるTRPV1, TRPA1抑制が、「蚊に刺さされても痛くないこと（painless piercing）」をある程度説明するかもしれない。マウスの唾液希釈液もHEK293T細胞に発現させたマウスTRPV1, TRPA1のそれぞれカプサイシン, AITCにより活性化された電流を有意に抑制することを観察した。しかし、メスマウスとオスマウスの唾液で、抑制効果に差はなかった。マウス唾液腺で、唾液放出に関わるTRPV4, anoctamin1の発現を免疫組織学的に確認した。アカイエカおよびマウスの唾液に含まれるTRPV1, TRPA1抑制化合物の候補としてシアロルフィンを推定し、シアロルフィンによるヒトおよびマウスのTRPV1, TRPA1電流抑制効果を検討したところ、どちらの電流も抑制したが、TRPA1電流の抑制効果の方が大きかった。これは、アカイエカおよびマウスの唾液の効果と同じで、シアロルフィンが、アカイエカとマウスの唾液に含まれるTRPV1, TRPA1機能抑制化合物である可能性を示唆する。そこで、CMCゼラチン包埋のアカイエカおよびマウス唾液腺の凍結薄切標本を作成して、基礎生物学研究所トラスオミクス解析室に送り、質量分析装置でのシアロルフィンを依頼している。

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-04-29
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 宮沢 豊 所属機関 (Institute) 山形大学 電話 (Phone no.)	部局 (Department) 理学部 FAX (FAX no.)	職 (Job Title) 教授 E-Mail
--	---	---	-------------------------------

1. 種別 / Category	統合ゲノミクス共同利用研究 / Collaborative research projects for integrative genomics
2. 課題番号 / Project number	25NIBB472
3. 研究課題名 / Research Project Title	TurboID法によるMIZ1の細胞内動態変化制御を司るタンパク質の同定と機能解析
4. 所内対応者 / Host Reseacher	吉田 拓也
5. 共同利用研究者(敬称略)	・ 秋田幸太郎：山形大学大学院理工学研究科 大学院生 / Kotaro Akita: Yamagata University, Graduate School of Science and Engennering ・ 牧野由美子：基礎生物学研究所 技術職員 / Yumiko Makino: National Institute for Basic Biology, Techincal Staff
6. 研究成果の概要及び今後の展望 / Outline of research results and future prospects	本共同研究は水分屈性発現機構を明らかにするために、水分屈性に必須のタンパク質であるMIZ1と水分勾配刺激特異的に相互作用するタンパク質をTurboIDを用いた近接ラベリングにより同定することを目的としている。今年度は昨年度にアドバイス頂いた内容をもとに、水ストレスの有無を比較するサンプルを調製し、予備的な解析を実施していただいた。その結果、ストレプトアビジンの検出量が多かったものの、およそ900のタンパク質が検出された。また、両サンプル間で検出量に違いのあるタンパク質も350程度検出された。特筆すべきこととして、このうち250程度が水ストレス条件のサンプルのみで検出されていた。1回の試行ではあるが、この成果は水ストレス下のみでMIZ1近傍に存在するタンパク質が数多く存在することを強く示唆している。また、この結果は実験系が想定通りに機能していることも示唆している。この結果を踏まえ、本格的なサンプル調整を大規模に実施し、3試行分のサンプルを2月下旬に発送した。また、得られた結果には、水分屈性発現機構と関連する可能性が想定されるタンパク質も存在したことから、それらをコードする遺伝子のノックアウト体を発注し、翌年の解析のための種子増幅を開始した。

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-04-30
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 藤田 泰成 所属機関 (Institute) 国際農林水産業研究センター (JIRCAS) 電話 (Phone no.)	部局 (Department) 食料プログラム FAX (FAX no.)	職 (Job Title) プログラムディレクター E-Mail
--	---	---	--

1. 種別 / Category	統合ゲノミクス共同利用研究 / Collaborative research projects for integrative genomics
2. 課題番号 / Project number	25NIBB473
3. 研究課題名 / Research Project Title	作物における乾燥ストレス応答ネットワークの統合オミクス解析
4. 所内対応者 / Host Researcher	吉田 拓也
5. 共同利用研究者(敬称略)	・ 藤田 泰成：国際農林水産業研究センター 食料プログラム プログラムディレクター / Yasunari FUJITA: Japan International Research Center for Agricultural Sciences (JIRCAS) , Food Program, Program Director ・ 吉田 拓也：基礎生物学研究所 超階層生物学センター 特任准教授 / Takuya YOSHIDA: National Institute for Basic Biology (NIBB), Trans-Scale Biology Center, Project Associate Professor ・ 永利 友佳理：国際農林水産業研究センター 生物資源・利用領域 プロジェクトリーダー / Yukari NAGATOSHI: Japan International Research Center for Agricultural Sciences (JIRCAS) , Biological Resources and Post-harvest Division, Project Leader
6. 研究成果の概要及び今後の 展望 / Outline of research results and future prospects	本研究は、圃場条件下で生じるマイルドな乾燥ストレスに対する作物の応答を代謝産物レベルで捉え、将来的なストレス状態の評価に資する知見の獲得を目的として開始した。昨年度途中からの開始であったため、本年度は主として、既存のトランスクリプトーム解析結果および元素分析結果を踏まえた研究方針の整理と、メタボローム解析に向けた試料設計、解析条件およびサンプリング時点の検討を進めた。これまでに、畝を用いた圃場実験系により、葉の萎れを伴わない程度の乾燥条件を再現的に誘導できること、またその条件下で特徴的な生理応答が観察されることが確認されている。本共同研究では、これらの知見を基盤として、包括的な代謝解析および遺伝子発現情報との統合的な解析により、乾燥条件下における代謝応答の全体像を把握するための検討を進めている。現時点では、研究は本格的なデータ取得に向けた準備および解析設計の段階にあり、個別の代謝産物の特定には至っていない。一方で、圃場条件、遺伝子発現、元素動態といった複数の情報を統合的に扱う解析枠組みが整いつつあり、乾燥ストレスに対する作物の応答を多面的に評価する基盤が構築されつつある。今後は、本年度継続課題として、メタボローム解析を中心としたデータ取得を進めるとともに、得られた情報の統合的解析を通じて、乾燥条件下における代謝応答の特徴を整理する予定である。さらに、条件や組織に応じた応答の違いについても検討を進めることで、圃場環境下における作物のストレス応答の理解を深化させることを目指す。これらの知見は、将来的なストレス評価手法の高度化に資することが期待される。

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-04-01
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 星野 敦 所属機関 (Institute) 基礎生物学研究所 電話 (Phone no.)	部局 (Department) 分野横断研究ユニット FAX (FAX no.)	職 (Job Title) 助教 E-Mail
--	---	--	-------------------------------

1. 種別 / Category	統合ゲノミクス共同利用研究 / Collaborative research projects for integrative genomics
2. 課題番号 / Project number	25NIBB474
3. 研究課題名 / Research Project Title	アサガオの青い花色の形成機構
4. 所内対応者 / Host Researcher	吉田 拓也
5. 共同利用研究者(敬称略)	該当なし
6. 研究成果の概要及び今後の展望 / Outline of research results and future prospects	アサガオの青い花を彩るアントシアニン色素の生合成経路を解明することを目的として、アントシアニンの5位にグルコースを結合させる配糖化酵素(以下、5GT)の特定を試みた。材料には、ソライロアサガオのツボミから抽出し、粗精製の各ステップで得られた8種類の酵素画分を使用した。各画分については事前に5GT活性を測定しており、活性と存在量が相関するペプチドを5GT由来と推定した。 前年度の分析においてペプチド総量の不足が原因で5GTの同定に至らなかった可能性を踏まえ、2025年度は各酵素画分のスタート量を100 μLから1000 μLへと大幅に増やして再度分析を実施した。1000 μLの各画分を凍結乾燥により濃縮した後、牧野技術職員の指導と中野技術職員の支援のもと、ヨードアセトアミドによる還元アルキル化、トリプシン処理、脱塩処理を経て、50%アセトニトリルに溶解した。質量分析にはOrbitrap Eliteを使用し、データ解析にはProteome Discovererを用い、検索エンジンとしてMascotを利用した。しかし、タンパク質のスタート量を増やして再分析を行ったものの、依然として5GT活性と存在量の間に相関が見られるペプチドは検出できず、5GTの同定には至らなかった。 この結果を受け、参照データベースの不完全さが同定のボトルネックになっていると考え、並行してソライロアサガオの全ゲノム解読を実施した。これにより、遺伝子の構造と機能を推定し、同植物における全てのタンパク質のリストを作成することに成功した。 2026年度は、この新たに構築した網羅的なタンパク質リストをベースとして用い、これまでに取得した質量分析データの再解析を行う予定である。

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-04-30
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 梅根 一夫 所属機関 (Institute) 基礎生物学研究所 電話 (Phone no.)	部局 (Department) IBBP センター FAX (FAX no.)	職 (Job Title) RMC准教授 E-Mail
--	--	---	-----------------------------------

1. 種別 / Category	統合ゲノミクス共同利用研究 / Collaborative research projects for integrative genomics
2. 課題番号 / Project number	25NIBB475
3. 研究課題名 / Research Project Title	低温プラズマ処理による植物ゲノムのエピジェネティック変化の解析
4. 所内対応者 / Host Reseacher	重信 秀治
5. 共同利用研究者(敬称略)	山口勝司：基礎生物学研究所 主任技術員
6. 研究成果の概要及び今後の展望 / Outline of research results and future prospects	研究成果 本研究では、低温プラズマ照射が植物ゲノムに与える影響を、イネのDNAトランスポゾンnDartを指標として解析した。その結果、pyl-stb変異体を用いた系において、低温プラズマ照射によりトランスポゾンの転移を再現性よく誘導できる条件を確立した。実際に、黄色と緑の斑入り葉を示す個体を安定して得ることができ、トランスポゾン転移の誘導が確認された。 さらに、斑入り個体の解析により、nDartの脱離に伴うフットプリントを検出し、転移が分子レベルで生じていることを明らかにした。また、mRNAのクローニングおよびSNP解析により、自律性因子aDartの候補を同定し、多数存在する候補の中から特定の因子が低温プラズマ照射によって活性化される可能性を示した。 加えて、長期保存により発芽率が低下した系統において、低温プラズマ照射により発芽の促進が観察され、トランスポゾン活性化に加えて生理的応答にも影響を与えることが示唆された。 以上の結果から、低温プラズマ照射は、短期間において特異的なエピジェネティック変化を誘導し、トランスポゾン活性化および生理応答を引き起こす新規な手法であることが明らかとなった。 今後の展望 本研究で得られた知見を基盤として、今後は低温プラズマ照射によって誘導されるエピジェネティック変化の分子機構を明らかにすることを目的とする。特に、同定した自律性因子aDartに着目し、そのDNAメチル化状態の変化を解析することで、トランスポゾン活性化との直接的な関連を検証する。 そのため、次世代シーケンス手法として、従来のビスルファイト法に代わる高精度な解析手法であるNEB社のEM-seqを用い、イネゲノム全体のDNAメチル化状態を網羅的に解析する。EM-seqはDNAの分解を抑えつつ高い変換効率を実現するため、低温プラズマ照射による微細なメチル化変化の検出に適しており、本研究の目的に合致する。 これにより、低温プラズマ照射によって誘導されるメチル化変化の空間的・時間的ダイナミクスを明らかにするとともに、トランスポゾン活性化との因果関係を解明する。さらに、発芽促進などの生理的効果についても、遺伝子発現解析と統合的に解析することで、低温プラズマが植物に与える影響の全体像を明らかにする。

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-04-30
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 林 利憲 所属機関 (Institute) 広島大学 電話 (Phone no.)	部局 (Department) 両生類研究センター FAX (FAX no.)	職 (Job Title) 教授 E-Mail
--	---	---	-------------------------------

1. 種別 / Category	統合ゲノミクス共同利用研究 / Collaborative research projects for integrative genomics
2. 課題番号 / Project number	25NIBB476
3. 研究課題名 / Research Project Title	イモリにおけるミトコンドリア代謝変化の質量分析イメージングによる解析
4. 所内対応者 / Host Researcher	吉田 拓也
5. 共同利用研究者(敬称略)	・ 林 利憲：広島大学両生類研究センター 教授 / Toshinori Hayashi: Hiroshima University, Amphibian Research Center, professor ・ 吉田 拓也：基礎生物学研究所超階層生物学センター 准教授 / Takuya YOSHIDA: National Institute for Basic Biology (NIBB), Trans-Scale Biology Center, associate professor ・ 森 友子：基礎生物学研究所超階層生物学センター 技師 / Tomoko MORI: National Institute for Basic Biology (NIBB), Trans-Scale Biology Center, technical staff ・ 竹原 舞：広島大学大学院統合生命科学研究科 大学院生 / Mai TAKEHARA: Hiroshima University, Graduate School of Integrated Sciences for Life, graduate student
6. 研究成果の概要及び今後の展望 / Outline of research results and future prospects	本研究では、Imaging MSを用いた解析に先立ち、標的とする代謝物の絞り込みを目的として、イモリの Terminal Crest（TC）における再生前後の代謝変化を網羅的に調べる予備的実験を行った。正常なTCと再生過程にあるTCについて、それぞれ1個体由来のサンプルと3個体分をプールしたサンプルを測定した。その結果、すべてのサンプルで27種の代謝物を検出することができた。PCA解析の結果、精巢摘出前と摘出後では異なるクラスターとして区別された一方で、サンプル間のばらつきが大きいことが明らかとなった。 次に、検出された代謝物を解糖系、TCAサイクル、分岐鎖アミノ酸、オルニチン経路、グルタミン代謝の5つの経路に分類し、再生過程における変化を解析した。その結果、TCAサイクル、分岐鎖アミノ酸、オルニチン経路、グルタミン代謝に関わる代謝物が再生過程において顕著に増加していることが示された。これらの結果は、Terminal Crestにおける再生過程でエネルギー代謝が変化していることを示唆しており、特にTCAサイクルを中心としたエネルギー産生の活性化が再生を支える重要な代謝基盤となっている可能性を示している。 以上の結果から、イモリのTCにおいて代謝物の測定が可能であること、また再生過程においてアミノ酸代謝が活発化している可能性が示された。今後は個体数を増やして解析を進め、Imaging MSに向けた標的候補の絞り込みを行った後、Imaging MS解析を実施する予定である。

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-03-31
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 高橋 大輔 所属機関 (Institute) 埼玉大学 電話 (Phone no.)	部局 (Department) 大学院理工学研究科 FAX (FAX no.)	職 (Job Title) 准教授 E-Mail
--	--	---	--------------------------------

1. 種別 / Category	統合ゲノミクス共同利用研究 / Collaborative research projects for integrative genomics
2. 課題番号 / Project number	25NIBB477
3. 研究課題名 / Research Project Title	低温により植物が著しい形態変化を引き起こすメカニズムの解明
4. 所内対応者 / Host Reseacher	吉田 拓也
5. 共同利用研究者(敬称略)	高橋大輔： 埼玉大学大学院理工学研究科 准教授 泉義紀： 埼玉大学大学院理工学研究科 大学院生
6. 研究成果の概要及び今後の展望 / Outline of research results and future prospects	緩やかな低温は植物の代謝や成長に大きく影響し、植物は将来的な凍結環境に備えるために低温馴化（cold acclimation）と呼ばれる生理応答を示す。低温馴化過程では、糖や適溶質の蓄積、細胞膜脂質や細胞壁の再編成など多様な変化が誘導され、凍結耐性の向上に寄与する。また、コマツナやホウレンソウなどでは、低温曝露によって葉にちりめん状のしわが形成されることが知られており、農業分野ではこの現象を利用した「寒締め栽培」が食味や品質の向上技術として活用されている。しかし、この特徴的な形態変化を駆動する細胞・組織レベルの構造的制御メカニズムについては不明点が多い。 本研究では、低温馴化がコマツナ葉の形態形成および組織構造に与える影響を、細胞・組織・力学・代謝の多階層から統合的に解析した。 まず、組織レベルの解析により、低温馴化後の葉では柵状組織において細胞数の増加と細胞サイズの縮小が同時に生じることが明らかとなった。一方、海綿状組織では同様の変化は顕著ではなく、葉内で組織特異的な成長制御が存在することが示された。この結果は、低温馴化に伴う葉形態変化が単なる細胞膨張ではなく、細胞分裂の再活性化を伴う成長様式の変化に基づく可能性を示唆する。 さらに、力学特性の評価から、維管束組織と葉肉組織の間で力学的性質に差が存在し、低温馴化によりその差が拡大する傾向が認められた。加えて、細胞壁成分の免疫組織染色により、維管束周辺においてペクチン側鎖の蓄積が顕著であることが明らかとなり、細胞壁構造の部位特異的な変化が力学特性の差異に関与している可能性が示された。 これらの結果を統合すると、低温馴化によって維管束と非維管束組織の間に力学的不均衡が生じ、相対的に柔軟な葉肉組織が応力を受けて変形することで、ちりめん状のしわが形成されると考えられる。また、柵状組織と海綿状組織の成長差に起因する葉内の成長非対称性が、葉の湾曲（上方へのたわみ）を促進する要因として働くことが示唆された。 本共同利用研究では主に、上記実験結果を踏まえたLC-MSによるメタボローム解析を行った。その結果、低温馴化に伴い多くの代謝物が葉脈および葉肉で同様に増加する傾向が確認された特に、クエン酸、リンゴ酸、コハク酸などのTCA回路関連有機酸や、プロリン、GABA、グルタチオンといったストレス応答関連代謝物の増加が顕著であり、低温馴化に伴うエネルギー代謝および防御代謝は、維管束組織と葉肉組織の間で概ね共通した応答を示した。一方で、すべての代謝物が一様に変化するわけではなく、一部のアミノ酸や有機酸では変動が限定的である、あるいは維管束組織と葉肉組織の間で組織特異的な変動を示すことが明らかとなった。 以上より、低温馴化に伴う葉の形態変化は、（1）組織特異的な細胞分裂制御、（2）細胞壁構造の再編成による力学特性の変化、（3）代謝状態の組織特異的な再編成、の複合的な相互作用によって駆動される現象であることが示唆された。最終的には、これらの知見を統合し、低温環境下における「細胞分裂—組織力学特性—ストレス代謝応答」の連関に基づく葉形態形成の統合モデルを構築することで、環境応答に基づく作物形態制御技術への応用が期待される。

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-04-27
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 杉山 栄二 所属機関 (Institute) 名城大学 電話 (Phone no.)	部局 (Department) 薬学部 FAX (FAX no.)	職 (Job Title) 准教授 E-Mail
--	--	---	--------------------------------

1. 種別 / Category	統合ゲノミクス共同利用研究 / Collaborative research projects for integrative genomics
2. 課題番号 / Project number	25NIBB478
3. 研究課題名 / Research Project Title	空間メタボロミクス関連技術の開発と応用
4. 所内対応者 / Host Reseacher	吉田 拓也
5. 共同利用研究者(敬称略)	森 友子: 基礎生物学研究所 技術職員/Tomoko Mori: NIBB Core Research Facilities, Chief サイダン スカンヤ : Mahidol University Faculty of Science Ph.D. candidate/ Saedan Sukanya: Mahidol University Faculty of Science, Ph.D. candidate 後藤 美月 名城大学 薬学部学部生/ Mizuki Goto: Meijo University, Faculty of Pharmacy, undergraduate student 横井 麻里安 名城大学薬学部学部生/ Maria Yokoi: Meijo University, Faculty of Pharmacy, undergraduate student 福島 未菜実 名城大学薬学部学部生/ Minami Fukushima: Meijo University, Faculty of Pharmacy, undergraduate student 早川 友香 名城大学薬学部学部生/ Tomoka Hayakawa: Meijo University, Faculty of Pharmacy, undergraduate student 大宮 菜由 名城大学薬学部学部生/ Mayu Omiya: Meijo University, Faculty of Pharmacy, undergraduate student 八重垣 真由 名城大学薬学部学部生/ Mayu Yaegaki: Meijo University, Faculty of Pharmacy, undergraduate student 杉山 奈緒子 名城大学 研究員（学部生）/Naoko Sugiyama: Meijo University, Faculty of Pharmacy, undergraduate student
6. 研究成果の概要及び今後の展望 / Outline of research results and future prospects	空間メタボロミクスによるアトピー性皮膚炎モデルマウスの解析を行った結果、同モデルの皮膚で顕著に集積する分子を多数見出した。また、エビ組織の解析により、組織内に特徴的の分布を示す多数のピークを見出した。さらに、尿中のD-アミノ酸をMALDI-TIMS/MSによりエナンチオ選択的に検出することに成功した。これら成果の一部は関連学会にて発表された。 今後は、特に重要な分布を示したイオンのMS/MSによる構造推定を進めると共に、空間メタボロミクスを可能とするキラル誘導体化試薬の開発を進める。

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-04-01
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 上田 貴志 所属機関 (Institute) 基礎生物学研究所 電話 (Phone no.)	部局 (Department) 細胞動態研究部門 FAX (FAX no.)	職 (Job Title) 教授 E-Mail
--	--	--	-------------------------------

1. 種別 / Category	統合ゲノミクス共同利用研究 / Collaborative research projects for integrative genomics
2. 課題番号 / Project number	25NIBB479
3. 研究課題名 / Research Project Title	植物のオルガネラ機能発現・維持機構の解明
4. 所内対応者 / Host Researcher	吉田 拓也
5. 共同利用研究者(敬称略)	牧野 由美子：基礎生物学研究所 トランスオミクス解析室 技術職員 金澤 建彦：基礎生物学研究所 細胞動態研究部門 助教 マルヴィー 飛勇：基礎生物学研究所 細胞動態研究部門 特任助教 Feng Yihong：基礎生物学研究所 細胞動態研究部門 特任助教 王 愛里：基礎生物学研究所 細胞動態研究部門 大学院生 Hassan Mukhtar：基礎生物学研究所 細胞動態研究部門 大学院生
6. 研究成果の概要及び今後の 展望 / Outline of research results and future prospects	タバコBY-2を用いた細胞質分裂機構の解析においては、SYP111やMAP65をbaitにした近接依存標識を行い、 ビオチン化されたタンパク質の網羅的な同定を質量分析により試みた。また、液胞膜タンパク質および油体関 連タンパク質について免疫沈降とそれに続く質量分析解析を行い、それぞれ相互作用タンパク質候補リストを 得た。いずれも年度末ギリギリになって結果が送付されてきたため（一部については部分的なデータ送付の み）、データの解析と候補分子の詳細な解析は次年度に持ち越しとなっている。次年度において統計的な解析 を通した候補分子の絞り込みを行うとともに、詳細な機能解析を実施する予定である。また、液胞膜タンパク 質および油体関連タンパク質について、近接依存標識法を用いて一過的な相互作用を示す因子の探索も実施す る。

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-04-22
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 中鉢 淳 所属機関 (Institute) 豊橋技術科学大学 電話 (Phone no.)	部局 (Department) 先端農業・バイオリサーチセン ター FAX (FAX no.)	職 (Job Title) 准教授 E-Mail
1. 種別 / Category	統合ゲノミクス共同利用研究 / Collaborative research projects for integrative genomics		
2. 課題番号 / Project number	25NIBB480		
3. 研究課題名 / Research Project Title	ディアフォリン曝露に伴う大腸菌の代謝応答プロファイル解析		
4. 所内対応者 / Host Researcher	吉田 拓也		
5. 共同利用研究者(敬称略)	・ 中鉢 淳：豊橋技術科学大学 先端農業・バイオリサーチセンター 准教授 / Atsushi NAKABACHI: Toyohashi University of Technology, Research Center for Agrotechnology and Biotechnology, associate professor ・ 佐々木 諒祐：豊橋技術科学大学 大学院生 / Ryosuke Sasaki: Toyohashi University of Technology, department of applied chemistry and life science, graduate student ・ 内田 尚大：豊橋技術科学大学 学部学生 / Naohiro Uchida: Toyohashi University of Technology, department of applied chemistry and life science, undergraduate student		
6. 研究成果の概要及び今後の 展望 / Outline of research results and future prospects	ディアフォリンは、世界的農業害虫であるミカンキジラミ <i>Diaphorina citri</i> （半翅目：キジラミ上科）の共生細菌 <i>Candidatus Profftella armatura</i> （Betaproteobacteria）により産生されるポリケチド-非リボソームペプチドハイブリッド化合物である。本研究は、ディアフォリンによる大腸菌の増殖・代謝促進機構の理解を目指し、メタボローム解析により、ディアフォリン曝露に伴う代謝物プロファイルの変動を明らかにすることを目的とする。今年度は、代謝変動解析に向けた予備検討として、大腸菌の培養スケール、ペレット回収前のクエンチング法、代謝物抽出法（凍結融解法および低温パッシブ法）、内部標準の種類（同位体標識バリン／リンゴ酸、およびメチオニンスルホン）、代謝物回収時の遠心条件、質量分析時の試料濃度などを体系的に検討し、本解析に用いる実験条件を確立した。 これを踏まえ、今後はディアフォリン曝露条件下で培養した大腸菌を用いてメタボローム解析を実施し、ディアフォリンによる代謝変動を評価する。		

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-04-28
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): Kirill Kryukov 所属機関 (Institute) National Institute of Genetics 電話 (Phone no.)	部局 (Department) Bioinformation and DDBJ Center FAX (FAX no.)	職 (Job Title) 特命准教授 (Specially Appointed Associate Professor) E-Mail
--	---	---	---

1. 種別 / Category	統合ゲノミクス共同利用研究 / Collaborative research projects for integrative genomics
2. 課題番号 / Project number	25NIBB481
3. 研究課題名 / Research Project Title	Analysis of Helicobacter pylori synteny
4. 所内対応者 / Host Reseacher	内山 郁夫
5. 共同利用研究者(敬称略)	N/A
6. 研究成果の概要及び今後の 展望 / Outline of research results and future prospects	We are analyzing the dataset of Helicobacter pylori genome data. We use all available complete genomes of H. pylori, for which we conducted gene annotation. In FY 2025 we continued developing the method and constructing the data analysis pipeline for analysing genome rearrangements. We installed additional tools in the RCCS supercomputer. We developed a specific tool for constructing pairwise dot plots for this analysis. We constructed the core alignment using the CoreAligner tool. We then extracted breakpoint boundaries of large rearrangements in individual genomes. In the future we will try constructing the sequence alignments of the regions around the breakpoint boundaries. We will then investigate sequence features associated with rearrangements and reconstruct the history of H.pylori genome structural change.

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-04-28
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 長澤 貴宏 所属機関 (Institute) 九州大学 電話 (Phone no.)	部局 (Department) 大学院農学研究院 FAX (FAX no.)	職 (Job Title) 助教 E-Mail
--	--	--	-------------------------------

1. 種別 / Category	統合ゲノミクス共同利用研究 / Collaborative research projects for integrative genomics
2. 課題番号 / Project number	25NIBB482
3. 研究課題名 / Research Project Title	魚類の凝固系・免疫系の相互作用、血中タンパクダイナミクスの解明
4. 所内対応者 / Host Researcher	吉田 拓也
5. 共同利用研究者(敬称略)	・ 長澤 貴宏：九州大学大学院農学研究院 助教 / Takahiro NAGASAWA: Kyushu University, graduate school of agriculture, assistant professor ・ 中尾 実樹：九州大学大学院農学研究院 教授 / Miki NAKAO: Kyushu University, graduate school of agriculture, professor ・ 松井 信太郎：九州産業大学生命科学部生命科学科 助教 / Shintaro MATSUI: Kyushu Sangyo University, faculty of life science, assistant professor ・ 牧野 由美子：基礎生物学研究所トランスオミクス解析室 技術職員 / Yumiko MAKINO: National Institutes of National Sciences, Trans-Omics Facility, Unit Chief of Technical Division
6. 研究成果の概要及び今後の展望 / Outline of research results and future prospects	本研究では硬骨魚類の血漿/血清中で観察された未知の補体活性抑制機構についての解析を進めている。コイ (Cyprinus carpio)の血清から精製した補体活性抑制タンパクを、基礎生物学研究所のOrbitrap elite質量分析器で解析したところ、それらがフィブリノーゲンの活性化断片であることを同定した。この分子機構をより詳細に解析するため活性化前のフィブリノーゲンタンパクを精製し、3つのサブユニットを同様に質量分析したところ、それぞれAα、Bβ、γ鎖であることが確認された。得られたペプチド断片シグナルからコイフィブリノーゲンの血中における構造を推定できた。またこれら3つのサブユニットそれぞれに対する特異抗体作製も進めている。特異抗体による検出と質量分析による構造決定により、凝固系活性化時に各フィブリノーゲン鎖がどのように重合―断片化するのか、そのダイナミクスを解析していく。また比較研究として軟骨魚類であるトラザメの血漿タンパクについても質量分析を行っており、凝固系関連因子の進化的な多様性についても解析を進めていく。

統合イメージング共同利用研究

25NIBB501 快感・不快感反応の神経基盤の解明を目指したマウス全脳イメージング

田中 大介 東京科学大学医歯学総合研究科

25NIBB502 ゼブラフィッシュ心臓管腔形成における力学作用機構の解析

福井 一 徳島大学先端酵素学研究所

25NIBB503 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

25NIBB504 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

25NIBB505 アホートルケラチノサイトから基底膜を貫通して COL1A 分子が供給される仕組みを探る

佐藤 伸 岡山大学異分野融合先端研究コア

25NIBB506 生物発光・蛍光ライブセルイメージングによる開口分泌の動態解析

福田 尚代 愛知学院大学歯学部 生化学講座

25NIBB507 てんかん〜うつ・不安症モデルマウス・脳内シアル酸修飾の時空間制御

加藤 啓子 京都産業大学生命科学研究科（生命科学部）

25NIBB508 精神疾患モデル動物の脳中間表現型解析 -大脳皮質領野形成に着目して-

佐々木 哲也 筑波大学医学医療系

25NIBB509 メダカ地域集団間の椎骨数変動因子の解明 2

木下 政人 京都大学大学院農学研究科

25NIBB510 唾液腺組織における新規エンドサイトーシス経路の分子機構の解析

設楽 彰子 朝日大学歯学部

25NIBB511 間接発生型動物の発生と変態に関する研究

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

25NIBB512 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

25NIBB513 コンピューター断層撮影法によるツメガエル疾患関連遺伝子変異と表現型の
関連解析

鈴木 誠 広島大学両生類研究センター

25NIBB514 温度遺伝学的手法を用いた胚発生パターンニングの解析

茂木 文夫 北海道大学遺伝子病制御研究所

25NIBB515 細胞内における核酸の一分子イメージングと細胞内夾雑環境における構造変
化

高津 正子 甲南大学先端生命工学研究所

25NIBB516 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

25NIBB517 ショウジョウバエ蛹期における外部生殖器特異的熱ショック法の開発

高橋 文 東京都立大学大学院理学研究科

25NIBB518 社会的行動に影響する初期神経発生の作用機序解析

佐藤 智美 埼玉医科大学医学部

25NIBB519 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

25NIBB520 シロイヌナズナの葉の発生・分化における AS2 と核小体タンパク質の役割の
解明

小島 晶子 中部大学応用生物学部

25NIBB521 イモリ指発生における細胞の寄与：前肢・後肢の比較解析

松原 遼 鳥取大学医学部生命科学科

25NIBB522 イモリ変異体の骨パターン解析

竹内 隆 鳥取大学医学部

25NIBB523 脊髄下行路抑制性ニューロンの同定

村山 綾子 公益財団法人実中研マーモセット医学生物学研究部

25NIBB524 PML body による遺伝子転写制御メカニズムの研究

栗原 美寿々 北海道大学大学院薬学研究院

25NIBB525 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

25NIBB526 Supernova 細胞標識法を用いた、ニワトリ胚における神経・中胚葉共通前駆体の起源と細胞系譜の解析

近藤 寿人 JT 生命誌研究館研究セクター

25NIBB527 オキシトシンが制御する社会性行動の分子神経基盤解析

横井 佐織 北海道大学大学院薬学研究院

25MINN528 単細胞緑藻クラミドモナスにおける葉緑体分裂の分子メカニズム

キム ウンチュル 日本大学文理学部生命科学科

25NIBB529 小型魚類を用いた認知・行動の種差にかかわる神経細胞型の探索・機能解析

梶山 十和子 東北大学生命研究科

25NIBB530 イモリの再生能力を解き明かすイメージング技術の確立

林 利憲 広島大学両生類研究センター

25NIBB531 ゼブラフィッシュ精母細胞ライブイメージングによる組換え因子の局在解析

今井 裕紀子 埼玉大学理工学研究科

25NIBB532 KO メダカを用いた Sorbs タンパク質の生理機能解析

木岡 紀幸 京都大学大学院農学研究科

25NIBB533 細胞集団のパターン形成過程のトラッキング

大沼 清 長岡技術科学大学技学研究院技術科学イノベーション系

25NIBB534 赤外レーザー照射に応答した植物細胞間カルシウムシグナル伝播の解析

友井 拓実 埼玉大学理工学研究科

25NIBB535 ニワトリ PGC の胚内移動を制御する機械刺激

齋藤 大介 九州大学大学院理学院

25NIBB536 魚類を用いた発生トラジェクトリーの経時的可視化と表現型の関係の解析

阿部 玄武 鳥取大学医学部

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-04-07
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 田中 大介 所属機関 (Institute) 東京科学大学 電話 (Phone no.)	部局 (Department) 医歯学総合研究科 FAX (FAX no.)	職 (Job Title) 講師 E-Mail
--	--	--	-------------------------------

1. 種別 / Category	統合イメージング共同利用研究 / Collaborative research projects for integrative bioimaging
2. 課題番号 / Project number	25NIBB501
3. 研究課題名 / Research Project Title	快感・不快感反応の神経基盤の解明を目指したマウス全脳イメージング
4. 所内対応者 / Host Researcher	野中 茂紀
5. 共同利用研究者(敬称略)	該当なし
6. 研究成果の概要及び今後の展望 / Outline of research results and future prospects	本研究では、快感・不快感反応の神経基盤解明を目的として、神経活動依存的に標識されるTRAP2;Ai14マウスと脳透明化法、光シート顕微鏡を組み合わせた全脳イメージング解析を行った。その結果、全身麻酔下において特異的に活動する神経細胞群をマウス全脳レベルで同定することに成功した。これらの成果は、意識状態の変化に伴う神経活動パターンを網羅的かつ単細胞解像度で捉えた点に新規性があり、論文として公表するに至った。 一方、申請当初に目標とした快感・不快感反応そのものに関わる神経基盤については、条件設定や生体状態の違いが神経活動に与える影響が大きいことも明らかとなり、さらなる検証が必要である。今後は、絶水・絶塩状態など内的状態が快・不快反応を変容させる条件下や、異なる味覚刺激において同様の全脳解析を進め、情動体験と意識状態を統合的に制御する神経回路の理解を深化させていきたい。

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-04-21
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 福井 一 所属機関 (Institute) 徳島大学 電話 (Phone no.)	部局 (Department) 先端酵素学研究所 FAX (FAX no.)	職 (Job Title) 独立准教授 E-Mail
1. 種別 / Category	統合イメージング共同利用研究 / Collaborative research projects for integrative bioimaging		
2. 課題番号 / Project number	25NIBB502		
3. 研究課題名 / Research Project Title	ゼブラフィッシュ心臓管腔形成における力学作用機構の解析		
4. 所内対応者 / Host Researcher	亀井 保博		
5. 共同利用研究者(敬称略)	福井 一：徳島大学先端酵素学研究所 独立准教授 / Hajime FUKUI: IAMS, Tokushima University, Associate professor 臼居 優：徳島大学先端酵素学研究所 助教 / Yuu USUI: IAMS, Tokushima University, Assistant professor		
6. 研究成果の概要及び今後の 展望 / Outline of research results and future prospects	「心臓管腔細胞膜上の局所的温熱変化が心臓管腔内の生体力学シグナル（Ca ²⁺ 流入）を調節し、組織形成に関与する機構の可能性」について研究をすすめている。基礎生物学研究所の亀井先生が有するIR-LEGOを用いた共同研究から、生体局所の熱応答を検証した。ゼブラフィッシュ心臓管腔内の心内膜では、熱刺激依存的に細胞内カルシウム流入がおきること、そして本応答は電依存性チャネル阻害薬の作用により消失することを見出した。引き続き生理的条件での熱エネルギー発生機序とその細胞応答について解析をすすめている。解析法の1つとして生体内温度を定量できる蛍光プローブ：B-gTEMPを発現する系統を複数樹立した。次年度、高い時間分解能と温度分解能を有する本センサー系統を活用することで熱情報変化や応答機構を解析する。また、血流を介したCa ²⁺ 応答が抑制される変異体を同定しており、この変異体における熱感知機構について検討をすすめる。本研究から、心臓で生じる物理情報が組織形成に果たす生体メカニズムの理解に近づくことが期待できる。		

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-04-07
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 加藤 泰彦 所属機関 (Institute) 大阪大学 電話 (Phone no.)	部局 (Department) 大学院工学研究科 FAX (FAX no.)	職 (Job Title) 准教授 E-Mail
1. 種別 / Category	統合イメージング共同利用研究 / Collaborative research projects for integrative bioimaging		
2. 課題番号 / Project number	25NIBB503		
3. 研究課題名 / Research Project Title	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		
4. 所内対応者 / Host Researcher	亀井 保博		
5. 共同利用研究者(敬称略)	・ 渡邊 肇：大阪大学大学院工学研究科 教授 ・ アディタマ ニッコ：大阪大学大学院工学研究科 助教		
6. 研究成果の概要及び今後の 展望 / Outline of research results and future prospects	2025年度は、これまでに開発した熱ショックに応答してGFPを発現するオオミジンコ組換え系統の表現型、および IR-LEGO 実験のデータの整理、まとめを行った。IR-LEGO による標的細胞の活性化に成功し2024年には論文として発表を行なった一方で、現在の組換え系統の遺伝子発現のリークが今後の展開における大きな問題となったため、共同利用研究を2025年度で終了することとした。		

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-04-02
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 木村 英二 所属機関 (Institute) 岩手医科大学 電話 (Phone no.)	部局 (Department) 解剖学講座・人体発生学分野 FAX (FAX no.)	職 (Job Title) 教授 E-Mail
--	--	---	-------------------------------

1. 種別 / Category	統合イメージング共同利用研究 / Collaborative research projects for integrative bioimaging
2. 課題番号 / Project number	25NIBB504
3. 研究課題名 / Research Project Title	脳血管系の形態形成メカニズムの解明
4. 所内対応者 / Host Researcher	野中 茂紀
5. 共同利用研究者(敬称略)	該当なし
6. 研究成果の概要及び今後の展望 / Outline of research results and future prospects	25年度も昨年度に引き続き、受精後2日目までに形成される脳血管全体を構成する内皮細胞の起源を明らかにすることを目的として、主に二光子顕微鏡およびライトシート顕微鏡を用いたタイムラプス・イメージングを実施した。血管内皮細胞の核に特異的に蛍光を発するトランスジェニック系統 Tg(flk1:nls-EGFP) を用いることで、個々の内皮細胞を識別し、追跡可能な条件下での長時間ライブイメージング系を構築した。これにより、初期脳血管形成過程における内皮細胞の移動、集積および血管構築の動態について、細胞レベルで観察可能となった。併せて、鰓弓動脈形成過程についても同系統を用いた解析を行い、内皮細胞が de novo に出現して血管系を構築していく過程の可視化に成功した。具体的には、第一鰓弓動脈が心臓と左右の背側大動脈を連結する過程を捉えるとともに、その後、第二鰓弓動脈以降も鰓軟骨組織間において第一鰓弓動脈と同様に de novo に出現し、連続的な血管系を形成していく過程の撮影に成功した。これらの結果は、頭部血管系の形成において、既存血管からの単純な伸長だけではなく、局所的な内皮細胞出現と再編成が重要であることを示唆するものである。26年度は、引き続きライブイメージングによるデータ取得を継続するとともに、これまでに蓄積した時系列画像データに対する tracking 解析を本格化させる。これにより、初期脳血管を構成する各内皮細胞の由来と移動経路を細胞系譜レベルで明らかにし、成果のとりまとめを進める予定である。さらに、CRISPR/Cas9 による遺伝子破壊体の作製も並行して進めている。すでに、中脳後脳境界の形成不全を示す系統および眼泡形成不全を示す系統の樹立に成功しており、今後はこれらの変異体を用いて、頭部の局所組織形成異常が脳血管形成に及ぼす影響を解析する予定である。加えて、レスキュー実験や薬剤阻害実験を組み合わせることで、頭部血管の形態形成機構の解明を26年度以降さらに進める計画である。

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2025-03-31
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 佐藤 伸 所属機関 (Institute) 岡山大学 電話 (Phone no.)	部局 (Department) 異分野融合先端研究コア FAX (FAX no.)	職 (Job Title) 准教授 E-Mail
--	---	---	--------------------------------

1. 種別 / Category	統合イメージング共同利用研究 / Collaborative research projects for integrative bioimaging
2. 課題番号 / Project number	25NIBB505
3. 研究課題名 / Research Project Title	アホロートルケラチノサイトから基底膜を貫通してCOL1A分子が供給される仕組みを探る
4. 所内対応者 / Host Researcher	亀井 保博
5. 共同利用研究者(敬称略)	大蘆彩夏、岡山大学環境生命自然科学研究科、D3
6. 研究成果の概要及び今後の展望 / Outline of research results and future prospects	アホロートルの皮膚表皮細胞から供給されるコラーゲン分子の分泌機構並びに、分泌後の繊維形成に焦点を当てた。先年の論文でこれまでは主流とされた皮膚のコラーゲン形成は線維芽細胞が行うものという概念を壊し、表皮細胞が皮膚コラーゲン形成の主要因であることを示した。本研究内では、コラーゲン分子が表皮細胞からどのように供給され、また、表皮細胞から供給されることが格子状のコラーゲン繊維構造に寄与するのかを問題にしている。まず、表皮細胞から供給されるコラーゲン分子は成熟した分子形態をとっていないことが強く示唆された。これは、表皮細胞側にコラーゲンの成熟を促す酵素群であるBMP1とAMAMTS2などの遺伝子発現が観察されない事に依る。実際、表皮細胞単独ではコラーゲン分子は分泌されるものの繊維化しないことを突き止めた。ここに成熟酵素を発現する繊維芽細胞を共培養することで表皮細胞から供給されたコラーゲン分子は成熟し、繊維形成が起こることを実証している。これらの事実は、表皮細胞が供給するコラーゲンは線維芽細胞の放出する酵素群を利用するという共役的なコラーゲン繊維形成機構を示唆する。基礎生物学研究所のとの共同研究では、コラーゲンの線維の可視化に利用させてもらった。これは、表皮細胞の供給がある状況とない状況ではコラーゲンの線維方向性に大きな違いが出ることを示すデータの取得に使用させてもらう予定である。表皮細胞単独ではコラーゲンの線維は形成されないことは上述の通りで、線維芽細胞の介在があり始めてきれいな格子状コラーゲン繊維が形成される。線維芽細胞単独では、繊維は形成されるものの格子状にならないという発見を、共焦点顕微鏡のクリアな観察像から明らかにすることができた。以上の成果は、コラーゲンの分泌機構並びに繊維形成に新しい知見を積み上げるものとして評価できる。 今後の展望としては、まず論文文化を目指す。その上で、アホロートルで発見した上記の機構が哺乳類の組織・細胞でも保存された機構であるのかを追求する予定となっている。この保存性を明らかに出来れば、企業を巻き込んだ応用研究への芽も育てることができると考えている。

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-04-01
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 福田 尚代 所属機関 (Institute) 愛知学院大学 電話 (Phone no.)	部局 (Department) 歯学部 生化学講座 FAX (FAX no.)	職 (Job Title) 講師 E-Mail
--	--	---	-------------------------------

1. 種別 / Category	統合イメージング共同利用研究 / Collaborative research projects for integrative bioimaging
2. 課題番号 / Project number	25NIBB506
3. 研究課題名 / Research Project Title	生物発光・蛍光ライブセルイメージングによる開口分泌の動態解析
4. 所内対応者 / Host Researcher	亀井 保博
5. 共同利用研究者(敬称略)	鈴木崇弘：愛知学院大学歯学部 教授 福田信治：愛知学院大学歯学部 准教授 福田尚代：愛知学院大学歯学部 講師
6. 研究成果の概要及び今後の展望 / Outline of research results and future prospects	本研究では生物発光および蛍光を用いたライブセルイメージングにより、開口分泌制御因子の機能解析を行っている。愛知学院大学において生物発光・蛍光のdual-imaging解析を行なった。その結果、極性を形成したMDCK細胞においてアピカル膜上での開口分泌は空間的に制御されていることが明らかとなった。共同研究として生物発光・蛍光のdual-imagingのデータ解析を自動化することを目的としていたが、研究進行上の制約により今回の実験ではマニュアルによる解析を行なった。解析を進めるにあたり、当初の想定通り、解析に時間を要した。また、明確なプロトコルの設定をしているが、恣意的なバイアスを完全に排除することができなかった。そのため、自動解析法の確立が必要であることが再認識された。

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-05-10
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 加藤 啓子 所属機関 (Institute) 京都産業大学 電話 (Phone no.)	部局 (Department) 生命科学研究科 (生命科学部) FAX (FAX no.)	職 (Job Title) 教授 E-Mail
--	--	---	-------------------------------

1. 種別 / Category	統合イメージング共同利用研究 / Collaborative research projects for integrative bioimaging
2. 課題番号 / Project number	25NIBB507
3. 研究課題名 / Research Project Title	てんかん〜うつ・不安症モデルマウス・脳内シアル酸修飾の時空間制御
4. 所内対応者 / Host Reseacher	野中 茂紀
5. 共同利用研究者(敬称略)	加藤 啓子：京都産業大学生命科学研究科教授／Keiko KATO: Kyoto Sangyo University, Division of Life Sciences/Faculty of Life Sciences, Professor 岡 卓也：京都産業大学生命科学研究科 客員研究員／Takuya OKA: Kyoto Sangyo University, Division of Life Sciences, Graduate student 八島 智樹：京都産業大学生命科学研究科修士1年次生／Tomoki YASHIMA, Faculty of Life Sciences, Graduate student 辻村 莉子：京都産業大学生命科学部4年次生／Tomoki YASHIMA, Faculty of Life Sciences, Undergraduate student
6. 研究成果の概要及び今後の展望 / Outline of research results and future prospects	シアル酸転移酵素St3gal4は、てんかんやうつ・不安症の発症制御に関与するとともに、代謝にも影響を及ぼすことが示唆されている。脳内では主として視床ニューロンに発現し、刺激に応答して発現量が増加することで、シアル酸化糖鎖構造の形成を促進する。この糖鎖修飾を介した分子シグナルは、扁桃体からPapez回路を含む情動記憶回路を介して伝達され、代謝変化を伴う精神疾患共存症の発症に関与する可能性がある。2023～2024年度には、St3gal4^{ΔmCherry/+}ノックインマウスおよびSt3gal4^{ΔmCherry/-} KIマウスを用いた透明化脳の3次元蛍光抗体染色をLight sheet顕微鏡で解析することを試みたが、内在性mCherryシグナルが弱く、十分な観察には至らなかった。 視床網様核はGABA作動性ニューロンから構成され、各種視床核の活動制御を担う。特に視床腹側前核ニューロンは、てんかん発症に伴いSt3gal4 mRNA発現が20倍以上増加する領域である。また、視床腹側前核ニューロンへ向かう網様核由来GABA作動性ニューロンの投射は生後に形成されるが、St3gal4欠損マウスではその形成が障害されることを2024年に示した。2025年度には、Parv-CreマウスとSt3gal4欠損マウスを交配し、Parv-Cre^{+/-};St3gal4^{-/-}およびParv-Cre^{+/-};St3gal4^{+/+}を作製したうえで、アデノ随伴ウイルスベクター(AAV)ベクターを用いた投射可視化系を構築し、野生型マウスでの網様核Parvalbumin陽性ニューロン投射の観察に成功した。2026年度は、両群間で腹側前核への軸索投射を比較するとともに、網様核→腹側前核→帯状回→網様核の回路をライトシート顕微鏡で同時観察し、St3gal4依存的糖鎖修飾が腹側前核領域の細胞外環境と神経回路形成に及ぼす影響を明らかにする。

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-04-02
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 佐々木 哲也 所属機関 (Institute) 筑波大学 電話 (Phone no.)	部局 (Department) 医学医療系 FAX (FAX no.)	職 (Job Title) 准教授 E-Mail
--	---	---	--------------------------------

1. 種別 / Category	統合イメージング共同利用研究 / Collaborative research projects for integrative bioimaging
2. 課題番号 / Project number	25NIBB508
3. 研究課題名 / Research Project Title	精神疾患モデル動物の脳中間表現型解析 -大脳皮質領野形成に着目して-
4. 所内対応者 / Host Researcher	亀井 保博
5. 共同利用研究者(敬称略)	左中彩恵：筑波大学医学群医学類 中村賢佑：筑波大学医学群医学類
6. 研究成果の概要及び今後の展望 / Outline of research results and future prospects	Robo1（Roundabout1）は軸索誘導因子Slitの受容体で、交連ニューロンの成長円錐に発現し反発性軸索誘導を担う。大脳皮質での層特異的発現と発達に伴う局在変化から、軸索誘導以外の機能も示唆される。我々は以前、Slit1が霊長類前頭前皮質で強く発現し、発達過程で領域差が形成されることを報告した。さらにRobo1抑制が錐体細胞の樹状突起形成異常を生じることが知られ、Robo遺伝子は自閉スペクトラム症などとの関連も指摘される。本研究では、Robo1の樹状突起形成への関与を明らかにするため、マウス大脳皮質および海馬ニューロンにおけるRobo1の局在とSlit1の影響を解析した。発達段階（P8～36）で免疫組織染色により発現と局在変化を評価し、初代培養海馬ニューロンではスパインを含む樹状突起分布を観察、さらに培地へSlit1を添加して樹状突起長と分岐数を定量した。その結果、Robo1は第2/3層および第5層錐体細胞の細胞体と樹状突起に局在し、発達に伴い分布が明瞭化した。培養海馬ニューロンでは突起先端で強い発現がみられ、Slit1添加により樹状突起分岐数が増加傾向を示した。以上より、Slit/Robo経路は軸索誘導に加え樹状突起形成を制御し、発達期の神経回路形成に寄与する可能性が示唆された。本成果は、樹状突起スパイン形成の分子基盤理解と発達障害の病態解明に資する知見を提供する。

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-04-03
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 木下 政人 所属機関 (Institute) 京都大学 電話 (Phone no.)	部局 (Department) 大学院農学研究科 FAX (FAX no.)	職 (Job Title) 准教授 E-Mail
--	--	--	--------------------------------

1. 種別 / Category	統合イメージング共同利用研究 / Collaborative research projects for integrative bioimaging
2. 課題番号 / Project number	25NIBB509
3. 研究課題名 / Research Project Title	メダカ地域集団間の椎骨数変動因子の解明 2
4. 所内対応者 / Host Researcher	亀井 保博
5. 共同利用研究者(敬称略)	原 里英：京都大学農学研究科 大学院生 / Rie Hara: Kyoto University, Graduate School of Agriculture, graduate student
6. 研究成果の概要及び今後の展望 / Outline of research results and future prospects	メダカの脊椎骨数を制御する遺伝子群のゲノムワイド解析をさらに進め、昨年度に推定した <i>tcf25</i> 遺伝子に加え、QTL 解析により <i>pcdh7b</i> 遺伝子の関与を推定した。つまり、ED100^Δ4 解析により示された <i>delta</i>-SNP 指数が高い SNP を抽出した。しかし、これらには、有意に非同義置換やフレームシフト変異は同定されなかった。これらの SNP の近傍（上流 670kb, 下流300kb）で、体節分節または体軸伸長に関連すると考えられる遺伝子は、プロトカドヘリン <i>b</i> (<i>pcdh7b</i>)のみであった。 そこで、これ非コード領域の SNPが、<i>pcdh7b</i> 遺伝子の発現調節に関与しているかどうかを解析することとした。ゼブラフィッシュでは同遺伝子が体節形成期の尾部領域で領域で発現する事が報告されているため、メダカ胚を用いた <i>in situ</i> ハイブリダイゼーションおよび qPCR による発現部位と発現量の解析および、ゲノム編集による同遺伝子のノックアウトを開始したところである。 今後、これらの結果から、同遺伝子の変異が椎骨数を変動させうのか明らかとなる。

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-04-28
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 設楽 彰子 所属機関 (Institute) 朝日大学 電話 (Phone no.)	部局 (Department) 歯学部 FAX (FAX no.)	職 (Job Title) 教授 E-Mail
--	--	---	-------------------------------

1. 種別 / Category	統合イメージング共同利用研究 / Collaborative research projects for integrative bioimaging
2. 課題番号 / Project number	25NIBB510
3. 研究課題名 / Research Project Title	唾液腺組織における新規エンドサイトーシス経路の分子機構の解析
4. 所内対応者 / Host Researcher	亀井 保博
5. 共同利用研究者(敬称略)	設楽彰子：朝日大学、歯学部生物学分野、教授 長瀬春奈：朝日大学、歯学部薬理学分野 助教
6. 研究成果の概要及び今後の展望 / Outline of research results and future prospects	【研究成果の概要】 上皮細胞の極性は組織の正常な構造維持と機能発現に不可欠であるが、分泌上皮における頂端膜形成の分子メカニズムには未解明な点が多い。本研究では、低分子量GTPaseであるCdc42を腺房細胞形成開始時期に特異的に欠損させたマウスモデルを用いて解析を行った。 Cdc42欠損マウスでは頂端膜形成の障害と腺腔周囲への小胞蓄積が認められ、これらの小胞にはAQP5およびRab11aが含まれていた。LSM980を用いた定量解析により、AQP5およびRab11aの腺腔周囲への局在変化は統計学的に有意であった一方、側底膜側のNKCC1には変化が認められず、頂端膜側に選択的な輸送障害が示された。さらに、Cdc42欠損はVAMP2タンパク質量を約55%減少させたがVamp2 mRNAへの影響はなく、翻訳後調節の関与が示唆された。以上より、Cdc42はVAMP2の発現維持を通じてRab11a陽性リサイクリングエンドソームの膜融合を制御し、頂端膜形成に寄与することが明らかとなった。 【今後の展望】 VAMP2の翻訳後調節メカニズムを解明するため、ユビキチン化経路およびオートファジー経路の関与について検討を進める予定である。また、本共同研究の枠組みにおいて高解像度蛍光顕微鏡解析を活用し、他のSNAREタンパク質群の頂端膜形成における役割についても解析を行う予定である。

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-04-24
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 美濃川 拓哉 所属機関 (Institute) 東北大学 電話 (Phone no.)	部局 (Department) 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 FAX (FAX no.)	職 (Job Title) 准教授 E-Mail
--	---	---	------------------------------------

1. 種別 / Category	統合イメージング共同利用研究 / Collaborative research projects for integrative bioimaging
2. 課題番号 / Project number	25NIBB511
3. 研究課題名 / Research Project Title	間接発生型動物の発生と変態に関する研究
4. 所内対応者 / Host Researcher	亀井 保博
5. 共同利用研究者(敬称略)	該当なし
6. 研究成果の概要及び今後の 展望 / Outline of research results and future prospects	2025年度は2種のウニ類の変態過程における消化管とその周辺の形態解析を行う計画であったが、研究が当初の計画通りに進展せず、共同利用を実施することができなかった。以前の共同利用で得たデータを解析し、変態開始後一週間までの消化管の形態変化について、いくつかの知見を得た。現在、研究計画と共同研究者の変更をおこない、2026年度の共同利用に備えて観察用試料の調整を行なっている。

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-04-27
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 横山 仁 所属機関 (Institute) 弘前大学 電話 (Phone no.)	部局 (Department) 農学生命科学部 FAX (FAX no.)	職 (Job Title) 准教授 E-Mail
--	---	---	--------------------------------

1. 種別 / Category	統合イメージング共同利用研究 / Collaborative research projects for integrative bioimaging
2. 課題番号 / Project number	25NIBB512
3. 研究課題名 / Research Project Title	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
4. 所内対応者 / Host Researcher	亀井 保博
5. 共同利用研究者(敬称略)	・横山仁：弘前大学農学生命科学部 准教授 ・亀井保博：基礎生物学研究所 RMC教授 ・学部学生 3 名：弘前大学農学生命科学部 ・大学院生 3 名：弘前大学大学院農学生命科学研究科
6. 研究成果の概要及び今後の展望 / Outline of research results and future prospects	熱ショックによる発現誘導でshh等の発現を誘導する実験においては、四肢の前後のマーカーとなる遺伝子の発生中の肢芽における発現様式を今年度の研究で確認した。今後はこれら遺伝子を指標にしながら、shh等の発現誘導後における遺伝子発現の変化を詳細に解析する予定である。またIR-LEGOによりツメガエルに対してスポット上に遺伝子発現を誘導する実験では、赤外レーザーの波長を変えた際の発現誘導範囲の違いを検証し、発生生物学分野の国際誌（Dev Growth Differ）に2026年2月に発表した。

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-04-30
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 鈴木 誠 所属機関 (Institute) 広島大学 電話 (Phone no.)	部局 (Department) 両生類研究センター FAX (FAX no.)	職 (Job Title) 助教 E-Mail
--	---	---	-------------------------------

1. 種別 / Category	統合イメージング共同利用研究 / Collaborative research projects for integrative bioimaging
2. 課題番号 / Project number	25NIBB513
3. 研究課題名 / Research Project Title	コンピュータ断層撮影法によるツメガエル疾患関連遺伝子変異と表現型の関連解析
4. 所内対応者 / Host Researcher	亀井 保博
5. 共同利用研究者(敬称略)	荻野 肇： 広島大学両生類研究センター 教授 / Hajime Ogino: Hiroshima University, amphibian research centre, professor 島本 百香： 広島大学大学院統合生命科学研究科 大学院生 / Momoka Shimamoto: Hiroshima University, graduate school of integrated sciences for life, graduate student
6. 研究成果の概要及び今後の展望 / Outline of research results and future prospects	モデル両生類のアフリカツメガエル（ <i>Xenopus laevis</i> ）とネッタイツメガエル（ <i>X. tropicalis</i> ）は、全ゲノム配列が解読されていること、低コストで遺伝子の機能解析が可能であること、ヒト疾患関連遺伝子の約8割が保存されていること等から、発生学や遺伝学の優れたモデルとして活用が進められている。我々はツメガエルを用いて、ヒト患者で同定された遺伝子変異の意義の研究、そしてネッタイツメガエル野生型近交系の間に見いだされた形態的多様性の遺伝的基盤の研究を進めている。本研究は、マイクロCT（Computed Tomography, コンピュータ断層撮影）装置を用いてこれらの研究の推進に必要な表現型解析を実施することを目的とした。本年度は、昨年度に実施したネッタイツメガエル近交系F2世代を対象とした表現型解析から得られた形質データ、およびddRAD-seq解析より得られた配列データを用いて、近交系間に見出された表現型多型のQTL解析を実施した。まず、配列データについて、SNP検出とマーカー選別を実施することにより、約4000の候補マーカーを同定した。次に、同定したマーカーを用いて、外部形状、体色、性別等の定性的・定量的な形質を対象としたQTL解析を実施することにより、それら形質の表現型多型と有意に関連する複数のQTLを同定した。今後は、QTL内に存在する各表現型の責任遺伝子の候補について、ゲノム編集個体の表現型解析を通じて、責任遺伝子を同定する計画である。ゲノム編集個体の表現型解析では、基礎生物学研究所の小型実験動物用3DマイクロX線CTのR _m CT2 (Rigaku) を用いて観察を実施する。

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-04-29
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 茂木 文夫 所属機関 (Institute) 北海道大学 電話 (Phone no.)	部局 (Department) 遺伝子病制御研究所 FAX (FAX no.)	職 (Job Title) 教授 E-Mail
--	---	---	-------------------------------

1. 種別 / Category	統合イメージング共同利用研究 / Collaborative research projects for integrative bioimaging
2. 課題番号 / Project number	25NIBB514
3. 研究課題名 / Research Project Title	温度遺伝学的手法を用いた胚発生パターンニングの解析
4. 所内対応者 / Host Researcher	亀井 保博
5. 共同利用研究者(敬称略)	木村健二：北海道大学遺伝子病制御研究所 講師 山本一徳：北海道大学遺伝子病制御研究所 特任助教
6. 研究成果の概要及び今後の展望 / Outline of research results and future prospects	申請者らはまず、細胞が力発生を感知・応答することで化学シグナルを調節する「力学—化学カップリング」を解明するための技術開発として、人為的な細胞内局所温度変化を利用して力発生を操作する「光温度遺伝学法」を確立した。この技術を線虫<i>C. elegans</i>に適用して、（１）胚発生における非対称分裂を介した体細胞と生殖細胞の作り分けと、（２）細胞集団が連結したシンシチウムにおける生殖細胞からの卵母細胞形成において、力学刺激による極性因子と運命因子の制御機構を解析した。 （１）胚発生における「対称性の破れ」機構の変遷 生殖細胞系列の細胞（接合子およびその子孫細胞）は、それぞれが非対称パターンを確立して非対称分裂することで、胚発生で生殖細胞前駆体を産生する。この際、生殖細胞系列は発生ステージによって（１）精子由来の中心体、（２）細胞質分裂後に残存する高次構造体であるミッドボディ、（３）紡錘体微小管、を使い分けることで、細胞形状や隣接細胞と協調的に非対称パターンを配置することが明らかとなった。この結果は、細胞極性を誘導する力学刺激—化学シグナルのクロストークが、発生プログラムの進行に伴って動的に変遷することを示す。ミッドボディが誘導する非対称分裂では、細胞極性制御因子のPAR-3 がミッドボディ依存的に一過的に非対称分布する。PAR-3 は細胞膜張力が高いと多量体を形成して細胞表層に濃縮することから、ミッドボディと膜張力との関係について解析を進めている。 （２）細胞質流動が制御する生殖細胞シンシチウムでの卵形成 卵へと分化する生殖細胞は、隣接する生殖細胞から細胞質を受け取ることで、巨大な卵へと成長する。細胞質を効率よく譲渡するために、生殖細胞集団は細胞質を共有したシンシチウムを形成し、卵に向けた一方向性の細胞質の流動を確立する。これまでに、細胞質流動には、卵母細胞が細胞質を取り込む「吸引力」が必要であり、この原動力はArp2/3 複合体によるアクチン重合であること、細胞質流動が卵母細胞を拡大するには、E-カドヘリン消失を介したシンシチウム粘弾性の低下による「流動化」が必要であることを発見した。更に、細胞質流動を阻害すると、卵母細胞のミトコンドリア活性などが低下して卵質の劣化を引き起こされることを見出した）。

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-04-28
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 高津 正子 所属機関 (Institute) 甲南大学 電話 (Phone no.)	部局 (Department) 先端生命工学研究所 FAX (FAX no.)	職 (Job Title) 特任研究助教 E-Mail
1. 種別 / Category	統合イメージング共同利用研究 / Collaborative research projects for integrative bioimaging		
2. 課題番号 / Project number	25NIBB515		
3. 研究課題名 / Research Project Title	細胞内における核酸の一分子イメージングと細胞内夾雑環境における構造変化		
4. 所内対応者 / Host Reseacher	亀井 保博		
5. 共同利用研究者(敬称略)	該当なし		

6. 研究成果の概要及び今後の展望 / Outline of research results and future prospects	1. 研究背景と目的 細胞内で機能する短鎖核酸には、siRNAやアンチセンスオリゴ核酸など核酸医薬として利用される分子のほか、遺伝子発現制御に関与する内在性小分子RNAが含まれる。これらの短鎖核酸は、標的RNAとの塩基対形成やタンパク質との複合体形成を介して機能するため、その作用を理解するには、配列や構造の情報に加えて、細胞内における局在、局所濃度、拡散係数、およびそれらの時間変化を定量的に把握することが重要である。 しかし、数十塩基程度の短鎖核酸は分子サイズが小さく、通常の蛍光顕微鏡観察では、局所的に高濃度に蓄積した分子や凝集体に由来するシグナルは検出できても、細胞内に分散した短鎖核酸について、標的RNAやタンパク質との相互作用に伴う局所濃度や拡散性の変化を直接定量することは難しい。 そこで本研究では、蛍光強度の時間ゆらぎを解析することで局所濃度と拡散係数を測定できる蛍光相関分光法（FCS）に着目した。特に、観測体積を微小化した超解像FCSを用いることで、測定可能な濃度範囲を拡張し、核酸医薬の細胞内作用に関連する濃度範囲において、生細胞内の局所領域における短鎖核酸の拡散動態と、相互作用に伴う動態変化を高い空間分解能で解析できると考えた。 一方、細胞内は高濃度の生体分子が存在する夾雑環境であり、短鎖核酸の拡散や標的分子との反応は、粘性、排除体積効果、局所濃度上昇、相互作用場の不均一性などの影響を受けると考えられる。このような細胞内環境を模倣するin vitro実験系として、PEGやFicollなどの高分子クラウダーを用いた系が広く利用されている。しかし、これらのモデル系が、細胞内夾雑環境を特徴づける各物理化学的要素をどの程度再現し、短鎖核酸の拡散や標的分子との相互作用にどのように影響するかは、十分に検証されていない。 本研究では、超解像FCSを用いて、生細胞内に導入した短鎖核酸の局所濃度と拡散係数を定量し、細胞内の夾雑環境下における短鎖核酸の拡散動態および標的分子との相互作用に伴う動態変化を解析する。さらに、PEGおよびFicollなどを用いて粘性や排除体積効果を制御したin vitroモデル系と比較することで、細胞内環境を構成する物理化学的要素が、短鎖核酸の拡散および反応動態に与える寄与を評価することを目的とする。 2.本年度の研究成果 本年度は、in vitroモデル系における短鎖核酸の拡散解析と、生細胞内における超解像FCS測定系の構築という二つの軸で研究を進め、いずれにおいても今後の解析に向けた基盤を構築した。 第一に、高分子クラウダーを用いたin vitroモデル系において、短鎖核酸の拡散測定を行った。塩基数や高次構造形成能の異なる複数の短鎖核酸を対象に、FCSによる拡散測定を行い、クラウダーの種類および濃度に依存した拡散係数の変化を系統的に取得した。また、同一条件下でクラウダー溶液の粘性および誘電率を測定し、粘性や誘電率の変化が短鎖核酸の拡散挙動に与える影響を整理した。これにより、in vitroモデル系が細胞内環境のどの物理化学的性質を反映し、どの性質を十分に再現できないのかを評価するための基盤データが得られた。 第二に、生細胞内で短鎖核酸の動態を安定的に測定するための条件を確立した。共焦点FCSでは、超解像FCSと比較して観測体積が大きく、測定可能な濃度範囲や空間分解能に制限があった。本研究では、超解像FCSを用いることで観測体積を微小化し、核酸医薬の細胞内作用に関連する高濃度域を含む広い濃度範囲での測定を可能にした。また、光学系設定、励起光強度、検出条件、解析モデルを最適化し、生細胞内で再現性の高いFCS解析系を構築した。短鎖核酸は球状タンパク質とは異なる柔軟な鎖状分子であり、塩基数や構造形成能に応じて拡散挙動や相互作用様式が変化する。そのため、短鎖核酸特有の分子特性を考慮し、塩基数や構造形成能に応じた拡散係数の変化を解釈するための解析方針を整備した。 3.次年度の計画 次年度は、本年度に構築したin vitroモデル系と生細胞内測定系を統合し、細胞内で観測される短鎖核酸の局所濃度や拡散係数の変化について、各要因の寄与を識別する解析プラットフォームを構築する。具体的には、PEGやFicollを用いたin vitroデータと、生細胞内で取得した超解像FCSデータを比較し、細胞内で観測される拡散係数の低下や局所濃度上昇が、粘性、排除体積効果、分子間相互作用、細胞内構造物による拡散制限などのいずれに由来するかを定量的に評価する。 また、細胞周期の違いやストレス応答の誘導などの細胞状態が異なる条件下で短鎖核酸の局所濃度、濃度勾配、拡散係数を測定し、それらが遺伝子発現変化や細胞機能とどのように関連するかを解析する。これにより、短鎖核酸の細胞内動態と遺伝子発現制御を結びつける定量的フレームワークの確立を目指す。 4.本研究の意義と展望 本研究が確立する定量的測定基盤は、核酸医薬の分子設計やデリバリー設計に資するとともに、人工細胞系において、細胞内環境の再現性を定量評価する指標としても展開できると期待される。さらに、細胞内環境が短鎖核酸の構造形成、複合体形成、標的到達性に与える影響を定量的に理解するための学術的基盤として、核酸科学、細胞生物学、医薬品開発にまたがる異分野横断的な貢献が期待される。
---	--

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-04-30
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 鈴木 大地 所属機関 (Institute) 筑波大学 電話 (Phone no.)	部局 (Department) 生命環境系 FAX (FAX no.)	職 (Job Title) 助教 E-Mail
--	--	---	-------------------------------

1. 種別 / Category	統合イメージング共同利用研究 / Collaborative research projects for integrative bioimaging
2. 課題番号 / Project number	25NIBB516
3. 研究課題名 / Research Project Title	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
4. 所内対応者 / Host Researcher	野中 茂紀
5. 共同利用研究者(敬称略)	・原田 理帆：筑波大学 生命地球科学研究群 博士課程前期
6. 研究成果の概要及び今後の展望 / Outline of research results and future prospects	十分なサンプル数の撮影と脳領域の3次元再構築を済ませた。今後、新規に応募したとおり、神経トレース法によるヌタウナギ脳内の神経回路の解明を遂行する。

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-04-28
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 高橋 文 所属機関 (Institute) 東京都立大学 電話 (Phone no.)	部局 (Department) 大学院理学研究科 FAX (FAX no.)	職 (Job Title) 教授 E-Mail
--	---	--	-------------------------------

1. 種別 / Category	統合イメージング共同利用研究 / Collaborative research projects for integrative bioimaging
2. 課題番号 / Project number	25NIBB517
3. 研究課題名 / Research Project Title	ショウジョウバエ蛹期における外部生殖器特異的熱ショック法の開発
4. 所内対応者 / Host Researcher	亀井 保博
5. 共同利用研究者(敬称略)	・ 斎田 美佐子：基礎生物学研究所バイオイメージング解析室 技術主任 ・ 林 健太郎：基礎生物学研究所バイオイメージング解析室 特任助教
6. 研究成果の概要及び今後の展望 / Outline of research results and future prospects	2025年度は、これまでに引き続きショウジョウバエ蛹期の形態形成中（困蛹殻形成後24-48時間）の外部生殖器原基に対して熱ショック反応を誘発するための赤外線照射を行った。熱ショック誘導によるRNAiノックダウンの条件検討結果及びノックダウンの効果が検出されたyellow遺伝子とodd-paired遺伝子を中心に結果をまとめ、G3誌へ投稿した。査読結果に基づき反復数を増やすなどの追加実験を行い、受理された。また顕微鏡講習会や共同利用研究者とのディスカッションにより、利用者の所属機関で赤外線照射のできるIR-LEGOシステムの構築が可能か検討を進めた。 今後は、引き続き同様な発生時期に外部生殖器原基で発現している遺伝子について、ノックダウンや強制発現による外部生殖器の形態形成における新たな機能を明らかにすることや、これまで形態形成過程に関する情報の少ない雌の外部生殖器について、熱ショック誘導による解析を進める計画である。また、利用者の所属機関でのIR-LEGOシステムの構築や非モデル種を用いた実験に向けて準備を進める計画である。

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-04-30
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 佐藤 智美 所属機関 (Institute) 埼玉医科大学 電話 (Phone no.)	部局 (Department) 医学部 FAX (FAX no.)	職 (Job Title) 非常勤講師 E-Mail
--	--	---	----------------------------------

1. 種別 / Category	統合イメージング共同利用研究 / Collaborative research projects for integrative bioimaging
2. 課題番号 / Project number	25NIBB518
3. 研究課題名 / Research Project Title	社会的行動に影響する初期神経発生の作用機序解析
4. 所内対応者 / Host Researcher	加藤 輝
5. 共同利用研究者(敬称略)	該当なし
6. 研究成果の概要及び今後の展望 / Outline of research results and future prospects	論文投稿先のPLOS ONEから査読の返答があり、査読者からのコメントに対応するため、追加実験を行いました。その結果、 １）発生初期の一時的paroxetine処理で観察された神経発生の遅延は、他の抗うつ薬SSRIであるFluoxetine, Fluvoxamine, Sertralineでも同様に認められたことから、化合物の構造的差異による特異的作用ではなく、SSRIに共通する特性であるセロトニントランスポーターSERTの阻害によるものであることが示唆されました。 ２）細胞周期における機能とは独立に、神経産生を促進する役割を持つCyclin D1のタンパク質発言を免疫染色により調べたところ、paroxetineと同様にFluoxetine, Fluvoxamine処理によっても、有意に発現が低下することを示し、SSRI処理が受精後50時間で確かに神経産生を抑制することを明らかにしました。 これらの研究成果について、以下の学会で一般口頭発表により報告を行いました。 １）第68回 日本神経化学会大会 2025年11月 名古屋 発生初期の一時的神経発生の遅延は幼若ゼブラフィッシュの社会的行動に負に作用する 佐藤 智美、齋藤 魁斗、大湯 翼、津田 佐知子、栗崎 知浩、梶原 健、永島 雅文 ２）第131回 日本解剖学会総会・全国学術集会 東京 発生初期のパロキセチン処理によるゼブラフィッシュの神経産生と行動に対する作用解析 佐藤 智美、齋藤 魁斗、大湯 翼、山口 和奈、津田 佐知子、栗崎 知浩、梶原 健、永島 雅文 今後は、発生初期の一時的神経発生の遅延が、その後の神経回路の形成と発達にどのような影響をもたらすのかを解析して行く予定です。

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-04-28
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 西上 幸範 所属機関 (Institute) 北海道大学 電話 (Phone no.)	部局 (Department) 電子科学研究所 FAX (FAX no.)	職 (Job Title) 助教 E-Mail
--	---	---	-------------------------------

1. 種別 / Category	統合イメージング共同利用研究 / Collaborative research projects for integrative bioimaging
2. 課題番号 / Project number	25NIBB519
3. 研究課題名 / Research Project Title	細胞形状から解明する原生生物の行動様式
4. 所内対応者 / Host Researcher	野中 茂紀
5. 共同利用研究者(敬称略)	・ 谷口 篤史：北海道大学電子科学研究所 研究員 / Atsushi TANIGUCHI: Hokkaido University, Research Institute for Electronic Science, researcher ・ 寺内 理音：北海道大学大学院生命科学院 大学院生 / Rion TERAUCHI: Hokkaido University, Graduate School of Life Science, graduate student
6. 研究成果の概要及び今後の展望 / Outline of research results and future prospects	本研究では、アメーバ運動における細胞形状変化と細胞内部の動態を明らかにすることを目的として、高速三次元イメージング条件の検討を行った。その結果、細胞膜および細胞質の動きを比較的高い時間分解能で観察することができ、移動中の細胞形状変化や内部流動を解析するための基礎的な画像データを取得した。一方で、細胞が基質ゲルに与える変形については、蛍光ビーズの観察条件やゲルの物性、画像の安定性などの制約により、十分に明瞭な変位場を取得するには至らなかった。 今後は、ゲルの硬さ、蛍光ビーズの密度、染色条件、撮影条件を再検討し、細胞形状・細胞質動態と基質ゲル変形を同時に定量できる実験系の確立を目指す。これにより、アメーバ運動における三次元的な形態変化と力発生の関係をより詳細に明らかにできると期待される。

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-04-27
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 小島 晶子 所属機関 (Institute) 中部大学 電話 (Phone no.)	部局 (Department) 応用生物学部 FAX (FAX no.)	職 (Job Title) 准教授 E-Mail
--	--	--	--------------------------------

1. 種別 / Category	統合イメージング共同利用研究 / Collaborative research projects for integrative bioimaging
2. 課題番号 / Project number	25NIBB520
3. 研究課題名 / Research Project Title	シロイヌナズナの葉の発生・分化におけるAS2と核小体タンパク質の役割の解明
4. 所内対応者 / Host Researcher	亀井 保博
5. 共同利用研究者(敬称略)	・安藤沙友里：中部大学・応用生物学部 助手 ・川本里奈：中部大学大学院・応用生物学研究科 M2
6. 研究成果の概要及び今後の展望 / Outline of research results and future prospects	シロイヌナズナの葉の表側化に関わるAS2は、植物に固有のZinc-fingerとロイシンジッパーを含むAS2/LOBドメインを持つAS2/LOB familyのメンバーであり、葉の発生初期に裏側化因子のサイレンシングに関わる。AS2は核小体周縁部内側の2ヶ所に顆粒状に局在し、これが機能に必要なことから、AS2 bodyと命名した。AS2 bodyは核小体の周縁部の凝縮した45S rDNA repeats（18S, 5.8S, 25S rRNA遺伝子）と部分的に共局在する(Luo et al., Plant J. 2020)。また、核小体局在タンパク質(NUC1, RH10, RID2)をコードする遺伝子の変異体では、核小体内部に拡散した小さなAS2 bodyシグナルが検出された(Ando et al., Plants 2023)。rh10変異体では、18S rRNAの前駆体が蓄積し、核小体が大きくなることが報告されている（Matsumura et al., 2016）。本研究では、核小体タンパク質と植物固有のAS2の機能を解明し、植物に特徴的な核小体および核小体周縁部の役割を明らかにすることを目的とした。 シロイヌナズナの45S rDNA repeatsのクラスターは第二染色体と第四染色体のそれぞれの短腕のテロメア付近に座しており、野生型では45S rDNAのシグナルは、核小体の周縁部に2ヶ所、核質に1～2ヶ所所検出される。核小体タンパク遺伝子RH10とAS2の単特変異体および二重変異体(as2 rh10)において45S rDNAをプローブとしてFISH解析を行った。FISHの画像を基礎生物学研究所バイオイメージング解析室にある超解像顕微鏡ZEISS LSM980 Airyscan2で取得することで、詳細な局在解析を行うことができた。 rh10変異体では45S DNAのシグナルは核小体の周縁部の2つの塊と、核小体の内部に多数の顆粒状のシグナルが検出された。as2変異体では、多くの核で核小体の周縁部の塊状のシグナルに加え、核小体の内部と核小体全体で弱いシグナルが検出された。また、二重変異体では、これらの2つを合わせたような局在パターンが観察された。従ってRH10とAS2はいずれも45S rDNAの凝縮や局在性へ関わるが、その作用は異なると考えられた。これらの変異体では、rRNAの発現が野生型とやや異なることが明らかとなった。従って、AS2とRH10は45S rDNAの発現に少ないながら影響を与えると考えられる。さらにrh10変異体は高温でより強い表現型を示し、高温では45S DNAの局在が変わることを示唆する結果が得られたため、さらに解析を進めるかを検討したいと考えている。

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-04-24
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 松原 遼 所属機関 (Institute) 鳥取大学 電話 (Phone no.)	部局 (Department) 医学部生命科学科 FAX (FAX no.)	職 (Job Title) 助教 E-Mail
--	---	--	-------------------------------

1. 種別 / Category	統合イメージング共同利用研究 / Collaborative research projects for integrative bioimaging
2. 課題番号 / Project number	25NIBB521
3. 研究課題名 / Research Project Title	イモリ指発生における細胞の寄与：前肢・後肢の比較解析
4. 所内対応者 / Host Researcher	亀井 保博
5. 共同利用研究者(敬称略)	松原 遼：鳥取大学医学部生命科学科 助教 / Haruka Matsubara: Faculty of Medicine Tottori University, School of Life Science, assistant professor
6. 研究成果の概要及び今後の 展望 / Outline of research results and future prospects	熱ショックによってCreレコンビナーゼを発現する2系統のイベリアトゲイモリ胚を用いて、IR-LEGOによる局所細胞系譜追跡実験を行った。それぞれの系統はイモリHsp70プロモーター下にCre（Pw.tgScel(Pw.Hsp70:Cre)）、人工Heat shockプロモーターである8xHSE下にCre（Pw.tgScel(Pw.8xHSE:Cre)）を組み込んだトランスジェニック個体である。これら個体は同時に掛け合わせによってLoxP配列を含む配列（CAGGS:mCherry-floxed-GFP）も有しており、IR-LEGOによって熱ショックを与えた細胞でのみCreが機能し、その細胞でのみGFPが発現する。今回の基礎生物学研究所にて上記のイモリ胚を用いてIR-LEGOを行なった。その結果Pw.Hsp70:Creでは人為的な熱ショック以前にCre活性が漏れてしまい、多くの細胞がGFPに切り替わってしまったため、標識実験はできなかった。また、8xHSEにおいては、少なくとも今回用いた系統ではCreが動かなかった。これは人工プロモーターの活性が弱すぎるか、サイレンシングなどによってプロモーターが機能できなくなっている可能性がある。次年度においてはこれらの問題を改善するため、Hsp70プロモーターではERT2-Creを組み込んだ系統を作製し、薬剤投与時に機能を限定させる。また人工プロモーターに関しては、異なる系統の動作チェックを行うのと同時に、配列改変によって活性が発生中に漏れず、かつ人為的に作動可能な活性を持つプロモーターを作成する。

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-03-31
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 竹内 隆 所属機関 (Institute) 鳥取大学 電話 (Phone no.)	部局 (Department) 医学部 FAX (FAX no.)	職 (Job Title) プロジェクト研究員 E-Mail
--	---	---	--------------------------------------

1. 種別 / Category	統合イメージング共同利用研究 / Collaborative research projects for integrative bioimaging
2. 課題番号 / Project number	25NIBB522
3. 研究課題名 / Research Project Title	イモリ変異体の骨パターン解析
4. 所内対応者 / Host Researcher	亀井 保博
5. 共同利用研究者(敬称略)	・唐川 丈里： 鳥取大学大学院医学系研究科 大学院生
6. 研究成果の概要及び今後の展望 / Outline of research results and future prospects	以下の重要な結果を得た。1. 同一個体の長期観察の結果、Hox13変異体イモリの尾長異常伸長の原因である尾椎追加は5.5年齢でも継続しており、長期にわたって異常が観測された。2. 同生殖系列変異体でもクリスパントと同様に尾端に高速に尾椎が追加されること、および、尾椎サイズの増加が起こることがわかった。3. 同変異体の尾長伸長と尾椎数の増加はHox11の変異で部分的ではあるが有意に救済される。4. 同変異体では発生過程の尾椎形成および発生後の尾椎形成のいずれでも尾椎の異常増加が起こる。5. 同変異体の基部からの尾再生は阻害されるが、その際、尾椎形成も阻害される。 以上はHox13遺伝子の新たな機能を示し、発生生物学上で意義高い結果である。また、Hox13変異体イモリの発生における体節数の増加も発見しており、発生期と発生後というように、二相性の尾椎形成抑制機構があることが示唆されている。これをマイクロCTを用いて明確に示したい。

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-04-30
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 村山 綾子 所属機関 (Institute) 公益財団法人 実中研 電話 (Phone no.)	部局 (Department) マーモセット医学生物学研究部 FAX (FAX no.)	職 (Job Title) 研究員 E-Mail
--	--	--	--------------------------------

1. 種別 / Category	統合イメージング共同利用研究 / Collaborative research projects for integrative bioimaging
2. 課題番号 / Project number	25NIBB523
3. 研究課題名 / Research Project Title	脊髄下行路抑制性ニューロンの同定
4. 所内対応者 / Host Reseacher	野中 茂紀
5. 共同利用研究者(敬称略)	N/A
6. 研究成果の概要及び今後の展望 / Outline of research results and future prospects	本年度は転勤が決まり、業務に忙殺されて研究室の立ち上げが間に合わず、実験自体がほぼできず、成果を出せなかった。基礎生物学研究所のライトシート顕微鏡を用いた観察まで至ることはできなかったが、その前段階として必須課題となっていた、固定脳サンプルサイズの縮小化を試みた。過固定にすることによって、透明化溶液によるサンプル膨張を抑えられることは確かめることができたが、過固定～透明化というステップにのなかで、強制発現させている蛍光タンパク質のもとと弱い蛍光強度がさらに弱くなってしまう問題が生じている。今一度、透明化ステップの見直しと、抗体染色などの取り入れを試すことでこの問題の解決し、早急に基生研での顕微鏡観察につなげる。

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-04-02
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 栗原 美寿々 所属機関 (Institute) 北海道大学 電話 (Phone no.)	部局 (Department) 大学院薬学研究院 FAX (FAX no.)	職 (Job Title) 助教 E-Mail
--	--	--	-------------------------------

1. 種別 / Category	統合イメージング共同利用研究 / Collaborative research projects for integrative bioimaging
2. 課題番号 / Project number	25NIBB524
3. 研究課題名 / Research Project Title	PML bodyによる遺伝子転写制御メカニズムの研究
4. 所内対応者 / Host Researcher	加藤 輝
5. 共同利用研究者(敬称略)	栗原美寿々：北海道大学大学院薬学研究院 助教
6. 研究成果の概要及び今後の展望 / Outline of research results and future prospects	細胞内には、タンパク質やRNAが集積して形成される膜を持たない構造体が多数存在し、複雑な生体反応を混線させることなく同時並行的に進行させている。近年、これら構造体と転写制御との関連が注目されているが、構造体そのものが特定の遺伝子発現に必須の役割を果たすかは不明である。 我々は、マウスES細胞においてPML bodyがY染色体上のリピート配列YS300と相互作用し、隣接遺伝子の転写を活性化することを明らかにした（Kurihara et al., Mol. Cell, 2020）。PML欠損により発現が低下することから、本系は構造体形成が遺伝子制御に必須であることを示すモデルである。 さらに、APEX-MSによりPMLのRINGおよびSUMO依存の相互作用因子を同定し、現在それらの機能解析を進めている。今後は、これら因子がどのように標的遺伝子に集積し転写を制御するのか、その分子機構の解明を目指すとともに、膜を持たない構造体による遺伝子制御の一般原理の理解へと発展させる。

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-05-08
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 藤森 俊彦 所属機関 (Institute) 基礎生物学研究所 電話 (Phone no.)	部局 (Department) 初期発生研究部門 FAX (FAX no.)	職 (Job Title) 教授 E-Mail
1. 種別 / Category	統合イメージング共同利用研究 / Collaborative research projects for integrative bioimaging		
2. 課題番号 / Project number	25NIBB525		
3. 研究課題名 / Research Project Title	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		
4. 所内対応者 / Host Researcher	野中 茂紀		
5. 共同利用研究者(敬称略)	木下典行：基礎生物学研究所 准教授 御子柴誠也：基礎生物学研究所 特別共同利用研究員 富田英翔：総合研究大学院大学 大学院生		
6. 研究成果の概要及び今後の 展望 / Outline of research results and future prospects	マウスにおいて胚が子宮へ着床する際には子宮内膜上皮の3次元形態が大きく変化し、胚が着床した領域で窪んだ形態である着床室を形成する。同時期に胚軸が子宮軸に対して揃い、これにより将来の胎盤を形成する細胞集団が子宮に対して適切な向きに配置される。本研究室ではこれまでに着床室の形成による胚軸と子宮軸の一致への影響を明らかにした。本研究ではさらに、この時期に起こる子宮内膜上皮の複雑な3次元形態の変化を駆動する機構、及びそれが着床室の形成やそれによる胚軸と子宮軸の一致に及ぼす影響を解析した。子宮全体を核染色した上で透明化処理し、ライトシート顕微鏡で観察を行なった。得られた画像から子宮内膜上皮領域のみを分取することに成功し、3次元形態の解析パイプラインを確立した。これを用いて、さまざまな薬剤処理を施した子宮や着床を模倣するタンパク質をコートしたビーズを子宮内に注入した際の子宮内膜上皮の3次元形態の解析を行ない、特定の薬剤処理による着床室形成不全やビーズによる着床室形成を観察した。 また、着床2日後には胚の前後軸が決まるイベントがおきる。胚の前後軸は遠位臓側内胚葉(Distal Visceral Endoderm; DVE)と呼ばれる細胞集団が移動した先で前側を誘導することで指定される。子宮からの拘束や力学的刺激を受容することが胚の前後軸形成に関与する可能性について検証をおこなった。ライトシート顕微鏡を用いて、複数方向から連続光学切片を撮影し、胚の形態やDVEの存在場所について胚発生の進行状況に沿って解析を進めた。これにより、胚の形態とDVEが存在する場所との間に明確な相関がみられた。更に、薬剤処理によって、子宮の平滑筋を弛緩、収縮させた際に子宮、脱落膜と胚の詳細な形態の観察を進めた。今後は観察された胚の形態がDVEの移動方向に与える影響をin vitroの実験を通して検証する。		

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-03-23
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 近藤 寿人 所属機関 (Institute) JT生命誌研究館 電話 (Phone no.)	部局 (Department) 研究セクター FAX (FAX no.)	職 (Job Title) 顧問 E-Mail
--	--	--	-------------------------------

1. 種別 / Category	統合イメージング共同利用研究 / Collaborative research projects for integrative bioimaging
2. 課題番号 / Project number	25NIBB526
3. 研究課題名 / Research Project Title	Supernova細胞標識法を用いた、ニワトリ胚における神経・中胚葉共通前駆体の起源と細胞系譜の解析
4. 所内対応者 / Host Researcher	加藤 輝
5. 共同利用研究者(敬称略)	該当なし
6. 研究成果の概要及び今後の展望 / Outline of research results and future prospects	令和25年度では、「Supernova細胞標識法を用いた、ニワトリ胚における神経・中胚葉共通前駆体の起源と細胞系譜の解析」のために、以下の基礎的な研究を行なった。（１）Supernovaベクターの胚への導入効率の最適化（ベクターの組み合わせの濃度比、全ベクターの濃度、ベクターDNAの注入位置等）を行った。（２）標識された細胞をライブイメージングで追跡するための撮像条件を検討した。これらの条件検討の過程で、試作したライブイメージング動画を加藤輝氏に送って意見を伺うとともに、画像処理の打ち合わせをおこなった。これらの打ち合わせはリモートの情報交換で十分実施できたので、旅費を使用することはなかった。 撮像条件としては、ニワトリ胚全体をカバーするマクロな画像を取得する際には、2xの対物レンズで5分毎の蛍光撮像、頭部神経堤等に対象組織を限定する場合は、4xの対物レンズ（開口数の小さいもの）で2.5分毎の撮像、というのを基本条件とした。 これまでのSupernova標識では、非特異的なエンハンサーを用いていたが、本研究では神経・中胚葉共通前駆体で一過的に活性化される、Sox2遺伝子のN1エンハンサーの特異性を用いてSupernova標識（N1-Supernova）を行うところに新規性がある。N1エンハンサー活性が失われた後もNMP細胞由来の細胞群を追跡できる。 N1-SupernovaによるNMP由来細胞の標識については、2025年9月の7th International Workshop on SOX Transcription Factors (Nagano)で発表し、また、NMP由来細胞が頭部神経堤の前駆体になるという、これまでの準備段階ですでに明らかになった新しい発見については、2027年6月の日本発生物学会年会（広島）で発表予定である（加藤輝氏が共著者）。 2026年度の共同利用研究（申請中）が承認された場合は、まず、NMPの頭部神経堤への関与についての研究を完成させたい。

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-05-09
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 横井 佐織 所属機関 (Institute) 北海道大学 電話 (Phone no.)	部局 (Department) 大学院薬学研究院 FAX (FAX no.)	職 (Job Title) 助教 E-Mail
1. 種別 / Category	統合イメージング共同利用研究 / Collaborative research projects for integrative bioimaging		
2. 課題番号 / Project number	25NIBB527		
3. 研究課題名 / Research Project Title	オキシトシンが制御する社会性行動の分子神経基盤解析		
4. 所内対応者 / Host Researcher	亀井 保博		
5. 共同利用研究者(敬称略)	出口 友則: 国立研究開発法人 産業技術総合研究所 主任研究員 大下 望有: 北海道大学大学院 薬学研究院 大学院生 川端 大貴: 北海道大学大学院 薬学研究院 大学院生 松本 遼子: 北海道大学大学院 薬学研究院 学部学生		
6. 研究成果の概要及び今後の 展望 / Outline of research results and future prospects	本研究では、オキシトシンが親密な相手に対する社会性に関与する仕組みとして、神経発達への関与があるのではないかと仮説をたて、当該仮説を検証するために、オキシトシンや関連遺伝子変異体と野生型とで神経発達に差があるかを検証した。具体的には、ライトシート顕微鏡により得られた、全脳のgnrh3ニューロンの2次元撮影データを元にして、Imarisを用いて3次元構築を行った。その結果、3次元構築に成功し、ニューロンの細胞体に関してはかなりはっきりと全容を確認できるようになった。その一方で、灌流固定が不十分なサンプルを用いた場合、血管の自家蛍光がgnrh3ニューロンのGFPシグナルと混同され、詳細なinnervationを追うことは難しいと考えられた。したがって、今後、灌流固定の条件を検討し自家蛍光の影響を最小限にとどめる必要があると考えている。		

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-03-31
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): キム ウンチュル 所属機関 (Institute) 日本大学 電話 (Phone no.)	部局 (Department) 文理学部生命科学科 FAX (FAX no.)	職 (Job Title) 助教 E-Mail
--	---	---	-------------------------------

1. 種別 / Category	統合イメージング共同利用研究 / Collaborative research projects for integrative bioimaging
2. 課題番号 / Project number	25NIBB528
3. 研究課題名 / Research Project Title	単細胞緑藻クラミドモナスにおける葉緑体分裂の分子メカニズム
4. 所内対応者 / Host Researcher	亀井 保博
5. 共同利用研究者(敬称略)	小杉 真貴子：基礎生物学研究所 環境光生物学研究部門 特任助教 紺野 美海：日本大学文理学部生命科学科 学部学生 上原 良太：日本大学文理学部生命科学科 学部学生
6. 研究成果の概要及び今後の展望 / Outline of research results and future prospects	本研究では、単細胞緑藻クラミドモナス（<i>Chlamydomonas reinhardtii</i>）におけるCURT1タンパク質の葉緑体分裂への関与を明らかにするため、<i>curt1abc</i>変異株（CURT1遺伝子が欠損した三重変異株）における葉緑体核様体（Chloroplast nucleoids）の分配を共焦点蛍光顕微鏡（Confocal fluorescence microscopy）を用いて観察した。 【実施した観察実験の概要】 ・実施日：2026年2月26～27日 ・使用株：HU:YFP融合タンパク質発現株（野生型 C13 バックグラウンド）、および<i>curt1abc</i>変異株バックグラウンドのHU:YFP発現株 ・HU（Heat unstable protein）は主要な葉緑体核様体タンパク質の一つであり、YFPとの融合によって核様体の局在を蛍光イメージングにより可視化した。 【主な観察結果】 ・<i>curt1abc</i>変異株では、HU:YFPシグナルのサイズに不均一性が観察された。すなわち、葉緑体核様体の分配に異常が示唆され、大小さまざまなサイズの核様体の一つの細胞内に混在する表現型が確認された。これはCURT1が葉緑体核様体の均等分配に関与している可能性を示唆する。 ・一方、野生型（WT）においては、Kamimura et al.（Commun. Biol., 2018）の先行報告とは異なる局在パターン（または表現型）が観察された。先行研究では核様体が葉緑体内に点在するパターンが報告されているが、今回の観察ではそれと異なる局在様式が認められた。 【今後の展望】 上記の結果を踏まえ、以下の3点を今後の課題として設定した。 1.先行研究との相違に関する原因究明（光強度・温度・葉の発達ステージ等の生育条件の再検討） 2.<i>curt1abc</i>変異株で観察されたHU:YFPシグナルの不均一性の定量化（ImageJを用いたシグナル面積・蛍光強度の数値化） 3.他の膜マーカーを用いた共局在解析や経時的観察によるメカニズムの検証

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-04-30
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 梶山 十和子 所属機関 (Institute) 東北大学 電話 (Phone no.)	部局 (Department) 生命科学研究科 FAX (FAX no.)	職 (Job Title) 助教 E-Mail
--	---	---	-------------------------------

1. 種別 / Category	統合イメージング共同利用研究 / Collaborative research projects for integrative bioimaging
2. 課題番号 / Project number	25NIBB529
3. 研究課題名 / Research Project Title	小型魚類を用いた認知・行動の種差にかかわる神経細胞型の探索・機能解析
4. 所内対応者 / Host Researcher	亀井 保博
5. 共同利用研究者(敬称略)	・ 田畑 明日香：東北大学大学院生命科学研究科 大学院生 ・ 山口 杏菜：東北大学大学院生命科学研究科 大学院生
6. 研究成果の概要及び今後の展望 / Outline of research results and future prospects	魚類において、終脳の背側の構造は種間で組織学的に多様性を持つ。中でもDd2（もしくはダルマ核）と呼ばれる神経核は大きな多様性を示す。しかし、Dd2がどのような機能を持つのかは全く明らかになっていない。そこで、メダカにおいてDd2のマーカー遺伝子であるtshz1のプロモーター領域にEGFPをノックインしたtshz1-EGFPトランスジェニックメダカを活用し、当該領域の破壊実験を行った。発生7日目のトランスジェニック胚に対し、IR-LEGO（Infrared Laser-Evoked Gene Operator）を用いて赤外線照射を行い、終脳背側に存在するtshz1陽性細胞群の選択的破壊を試みた。その結果、標的細胞群を高い再現性をもって局所的かつ完全に破壊することに成功した。照射した胚の死亡や奇形は確認されず、IR-LEGOによる高精度な細胞破壊系が有効であることが示された。さらに、破壊後14日間にわたり経時的観察を行った結果、標的細胞群は再生せず、発生初期に破壊されたtshz1陽性細胞群が欠損した状態が維持されることが確認された。 本成果により、特定の神経細胞群を発生期に選択的に除去し、その後の神経回路形成や行動への影響を解析するための基盤技術が確立された。今後は、破壊後成体まで飼育した個体を用いて、tshz1陽性細胞群の欠損が社会行動や視覚行動、種特異的行動に与える影響を評価する予定である。また、同様の手法をGFP標識した他の種差のあるニューロン群にも応用することで、行動の種差へ寄与を解明していきたい。

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-04-30
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 林 利憲 所属機関 (Institute) 広島大学 電話 (Phone no.)	部局 (Department) 両生類研究センター FAX (FAX no.)	職 (Job Title) 教授 E-Mail
--	---	---	-------------------------------

1. 種別 / Category	統合イメージング共同利用研究 / Collaborative research projects for integrative bioimaging
2. 課題番号 / Project number	25NIBB530
3. 研究課題名 / Research Project Title	イモリの再生能力を解き明かすイメージング技術の確立
4. 所内対応者 / Host Researcher	亀井 保博
5. 共同利用研究者(敬称略)	・ 林 利憲：広島大学両生類研究センター 教授 / Toshinori Hayashi: Hiroshima University, Amphibian Research Center, professor ・ 亀井 保博：基礎生物学研究所超階層生物学センター 教授 / Yasuhiro KAMEI: National Institute for Basic Biology, Optics and Bioimaging Facility, (Trans-Scale Biology Center), professor ・ 竹原 舞：広島大学大学院統合生命科学研究科 大学院生 / Mai TAKEHARA: Hiroshima University, Graduate School of Integrated Sciences for Life, graduate student ・ 榎本 英理子：広島大学大学院統合生命科学研究科 大学院生 / Eriko ENOMOTO: Hiroshima University, Graduate School of Integrated Sciences for Life, graduate student ・ 阿南 有紗：広島大学大学院統合生命科学研究科 大学院生 / Arisa ANAMI: Hiroshima University, Graduate School of Integrated Sciences for Life, graduate student ・ 暮石 琴乃：広島大学大学院統合生命科学研究科 大学院生 / Kotono KUREISHI: Hiroshima University, Graduate School of Integrated Sciences for Life, graduate student ・ 塚本 優太：広島大学大学院統合生命科学研究科 大学院生 / Yuta TSUKAMOTO: Hiroshima University, Graduate School of Integrated Sciences for Life, graduate student ・ 野口 大吾：広島大学理学部 学部生 / Daigo NOGUCHI: Hiroshima University, Faculty of Science, undergraduate student ・ 本橋 諒：広島大学理学部 学部生 / Ryo MOTOHASHI: Hiroshima University, Faculty of Science, undergraduate student
6. 研究成果の概要及び今後の展望 / Outline of research results and future prospects	本研究では、イモリの実験操作に習熟した提案代表者らが作製した試料を、亀井氏らの技術および先進的な顕微鏡群を用いてイメージングし、試料調整から画像取得に至るまでの一連の手法を確立することを目的として、以下の研究項目を実施した。 1. in situ hybridization chain reactionシグナルの高感度検出 イモリでは in situ hybridization法により遺伝子を検出する技術が十分に確立されてこなかった。そこで提案代表者らは、Hybridization Chain Reaction (HCR)法を利用して、イモリの遺伝子を効率よく複数検出する手法を構築してきたが、より高感度かつ高解像度の画像を取得する必要があったため、基礎生物学研究所の顕微鏡を利用して、画像取得の条件検討を実施した。その結果、イモリ幼生あるいは成体組織に対して、HCR染色を施した試料をAndor BC43などの顕微鏡を用いてイメージングする一連のプロトコルを確立した。 2. スフェロイドの3D染色像の取得とライブイメージング： 提案代表者らが研究を行っているイモリの精巢再生機構を明らかにする上で、イモリ生殖巣から取り出した生殖細胞と生殖体細胞をスフェロイドとして培養した上で、生殖細胞の配置を詳細に解析する必要があった。そこで、イモリの生殖体細胞をWT1やSox9に対する抗体で、生殖細胞をVASAに対する抗体で染色した上で、Andor BC43やLeica STELLARIS顕微鏡などを用いて高解像度の画像を取得する条件を確立して、両細胞種の3次元的な位置関係を明らかにすることができた。

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-04-30
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 今井 裕紀子 所属機関 (Institute) 埼玉大学 電話 (Phone no.)	部局 (Department) 理工学研究科 FAX (FAX no.)	職 (Job Title) 助教 E-Mail
--	---	--	-------------------------------

1. 種別 / Category	統合イメージング共同利用研究 / Collaborative research projects for integrative bioimaging
2. 課題番号 / Project number	25NIBB531
3. 研究課題名 / Research Project Title	ゼブラフィッシュ精母細胞ライブイメージングによる組換え因子の局在解析
4. 所内対応者 / Host Researcher	亀井 保博
5. 共同利用研究者(敬称略)	出口 真唯：埼玉大学理学部 学部学生 / Mai Ideguchi: Saitama Univeristy, faculty of science, undergraduate student
6. 研究成果の概要及び今後の展望 / Outline of research results and future prospects	減数分裂期の組換えは、配偶子への正確な染色体分配を担うとともに、遺伝情報のシャッフリンクによって遺伝的多様性をもたらす重要なメカニズムである。ヒトやセーフラフィッシュを含む多くの生物種のオスではテロメア近傍で組換えが起こりやすいか知られているか、そのメカニズムは明らかになっていない。本研究の目的は、セーフラフィッシュの精子分化培養系を用いて組換えに必須なタンパク質のライブイメージング観察を行い、減数分裂における動態変化とそれらを担う因子を明らかにすることである。 2025度は、蛍光タンパク質を融合した標的タンパク質を減数分裂特異的に発現するトランスジェニックセーフラフィッシュを用いて以下のライブイメージング解析を行った。なお、ライブイメージングには、NIBBハイオイメージング解析室のスピンコテディスク共焦点レーザー顕微鏡 CSU-X1を用いた。まず、野生型セーフラフィッシュの精母細胞において、組換え必須タンパク質のライブイメージング解析を行ったところ、核膜近傍にクラスターを形成して局在している細胞と、核全体に弱い蛍光もしくはfociを持つ細胞が観察された。前者は、組換え初期に特徴的なテロメアクラスターへの局在を反映していると考えられる。さらに、組換えの初期過程であるDNAの二重鎖切断の変異体で、この組換え必須タンパク質の局在を観察したところ、核膜近傍ヘクラスターもしくは、独立したfociとして強いシグナルが観察された。また、独立したfociとしてシグナルが観察された細胞では、顕著なfoci同士の融合や分離など、液滴の性質を示す現象は観察されなかった。したがって、着目する因子がDNAの二重鎖切断よりも前に染色体へ局在し、核膜へ接着したテロメア近傍に安定的に結合していることが明らかになった。さらに、蛍光タンパク質を融合したテロメア局在因子(mScarlet-Terf1)を同時に発現させることで、組換え初期に特徴的なテロメアクラスタリンクが見られる組換え初期と見られない組換え後期のステージングを試みたが、組換え初期においてテロメア局在因子の明瞭なシグナルを得ることができなかった。今後、コンストラクトの改良を進めてステージごとの定量を進めるとともに、染色体構造変異体における動態解析を行い、組換え必須因子の動態における染色体構造の相互作用の役割を明らかにしていく予定である。

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-04-01
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 木岡 紀幸 所属機関 (Institute) 京都大学 電話 (Phone no.)	部局 (Department) 大学院農学研究科 FAX (FAX no.)	職 (Job Title) 教授 E-Mail
--	--	--	-------------------------------

1. 種別 / Category	統合イメージング共同利用研究 / Collaborative research projects for integrative bioimaging
2. 課題番号 / Project number	25NIBB532
3. 研究課題名 / Research Project Title	KOメダカを用いたSorbsタンパク質の生理機能解析
4. 所内対応者 / Host Researcher	亀井 保博
5. 共同利用研究者(敬称略)	・石川優太: 京都大学大学院農学研究科/大学院生 ・川井健太郎: 京都大学大学院農学研究科/大学院生 ・木下 政人: 京都大学大学院農学研究科/准教授
6. 研究成果の概要及び今後の展望 / Outline of research results and future prospects	Sorbsファミリータンパク質は細胞とコラーゲンをはじめとする細胞外基質との接着部位(接着斑)に局在し、細胞外基質の硬さの感知とそれによる細胞機能の制御に関与している。特に、培養細胞を用いた実験で細胞外基質の硬さに応じた間葉系幹細胞の分化制御などメカノセンシングに関わることが明らかになっている。本研究では、Sorbs1KOとSorbs3KOメダカを用いて、Sorbs1およびSorbs3の個体レベルでのメカノセンシングにおける機能を明らかにすることを目的としている。これまでにこれらKOメダカおよび2重欠損メダカを用いて、マイクロCTの撮影条件の検討と、予備的データを得た。今後さらに詳細な条件の検討を行い、データを取得することでSorbs1およびSorbs3の個体レベルでのメカノセンシングにおける役割の解明を目指す。

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-04-04
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 大沼 清	部局 (Department) 技学研究院技術科学イノベーション系 FAX (FAX no.)	職 (Job Title) 准教授 E-Mail
	所属機関 (Institute) 長岡技術科学大学		
	電話 (Phone no.)		

1. 種別 / Category	統合イメージング共同利用研究 / Collaborative research projects for integrative bioimaging
2. 課題番号 / Project number	25NIBB533
3. 研究課題名 / Research Project Title	細胞集団のパターン形成のトラッキング
4. 所内対応者 / Host Researcher	亀井 保博
5. 共同利用研究者(敬称略)	亀井 保博 基礎生物学研究所 超階層生物学センター 超階層生物学共同利用推進室 特任教授
6. 研究成果の概要及び今後の展望 / Outline of research results and future prospects	本研究では、細胞が集団となりパターン形成するのに必要な微小環境を理解するために、細胞運動を調べた。ES/iPS細胞は、四倍体胚へと移植することで全身がES細胞由来の子が発生するため、"多能性幹細胞をある特殊な微小環境（場）におくことで全身ができる"といえる。しかし、このような「場」が、細胞に対してどのようなシグナル分子をどんなタイミングで与えているのかは不明である。本研究では、「場」がヒトiPS細胞の形態形成・機能獲得に与える影響をみるため、2つのモデル系のイメージング研究を行った。 1つは、「ヒト胚に近い性質をもつiPS細胞由来の分化細胞を、ヒト胚程度の狭い「場」で培養すれば、ヒト胚のような原腸形成様のダイナミクスが見える」との作業仮説のもとに実験を行った。ヒトiPS細胞そのものとそこから分化した中胚葉を混ぜて、ヒト胚程度の円形（直径0.5mm）およびその約10倍の円形（直径6mm）で培養したところ、前者では中胚葉が中心の1か所に集まったのに対し、後者では数多くのドットとなった。ヒトの原腸形成では、中胚葉が中心線に集まり、そこから体軸が1本だけ形成される。以上のことから、ヒト胚と同程度の大きさであることが、原腸形成期の形態形成に重要であることが示唆される。今後は、細胞が集まり、さらに層形成する過程なども共焦点顕微鏡でライブイメージすることで、メカニズムを明らかにしたい。 もう一つは、「ヒト心筋（自己再生しない）の細胞を、ゼブラフィッシュの心臓（自己再生する）へと埋め込み、何らかの薬剤を追加投与（スクリーニング）することで、ゼブラフィッシュの心臓と一緒に再生に寄与する」との作業仮説のもとに、異種移植実験を行った。大学での実験では、移植したヒト心筋細胞が移植先のサカナ心臓に生着し、同期拍動することが確認された。しかし、基生研においては再現できなかった。今後は、再現性の良い実験方法を確立し、再度チャレンジして、同期拍動する様をライブイメージングすることで、両者の同期がアーティファクトでないことを検証したい。

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-04-25
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 友井 拓実 所属機関 (Institute) 埼玉大学 電話 (Phone no.)	部局 (Department) 理工学研究科 FAX (FAX no.)	職 (Job Title) 特定助教 E-Mail
1. 種別 / Category	統合イメージング共同利用研究 / Collaborative research projects for integrative bioimaging		
2. 課題番号 / Project number	25NIBB534		
3. 研究課題名 / Research Project Title	赤外レーザー照射に応答した植物細胞間カルシウムシグナル伝播の解析		
4. 所内対応者 / Host Researcher	亀井 保博		
5. 共同利用研究者(敬称略)	福井大良：埼玉大学理工学研究科 大学院生		
6. 研究成果の概要及び今後の 展望 / Outline of research results and future prospects	本研究では、IR-LEGO (Infrared Laser-Evoked Gene Operator) を用いて、シロイヌナズナ（被子植物）およびヒメツリガネゴケ（非維管束植物）の個々の細胞に赤外レーザー照射による刺激を与え、カルシウムシグナル伝播をリアルタイムで観察・解析した。赤外レーザー照射による局所加熱は、温度上昇に伴う膜の揺らぎや張力変化を誘導し、接触刺激の一部を模倣する可能性があると考えられる。 申請者はこれまでにIR-LEGOによる局所加熱を用いた遺伝子発現誘導条件を、シロイヌナズナおよびヒメツリガネゴケにおいて最適化してきた (Tomoi et al., 2023, Front Plant Sci; Tomoi et al.,)。今年度は主にGCaMP6fを発現するヒメツリガネゴケを用い、赤外レーザー照射に対するカルシウムイメージング解析を行った。遺伝子発現誘導に用いる条件と同様の照射条件では、カルシウムシグナルは主に局所的な細胞内応答にとどまり、明確な細胞間伝播は観察されなかった。一方で、遺伝子発現誘導には用いない短時間かつ高出力の照射条件では、カルシウムシグナルの細胞間伝播が観察された。さらに、機械刺激に対して感受性が高いと考えられる変異株では、野生型では伝播が認められない照射条件においてもカルシウムシグナルの伝播が誘導された。以上の結果から、IR-LEGOによる局所的な物理刺激が、条件によっては機械刺激様の応答を誘導し得る可能性が示唆された。ただし、その再現性および分子機構については今後の詳細な検討が必要である。 今後は、機械刺激および温度刺激に関与する遺伝子変異株との比較解析を進めるとともに、原子間力顕微鏡などの物理刺激計測手法も併用することで、IR-LEGOによる刺激の性質とカルシウムシグナル伝播機構の関係をより精密に解析する。また、シグナル伝播に関与する遺伝子の同定を進める予定である。		

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-04-25
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 齋藤 大介 所属機関 (Institute) 九州大学 電話 (Phone no.)	部局 (Department) 大学院理学研究院 FAX (FAX no.)	職 (Job Title) 教授 E-Mail
--	--	--	-------------------------------

1. 種別 / Category	統合イメージング共同利用研究 / Collaborative research projects for integrative bioimaging
2. 課題番号 / Project number	25NIBB535
3. 研究課題名 / Research Project Title	ニワトリPGCの胚内移動を制御する機械刺激
4. 所内対応者 / Host Researcher	亀井 保博
5. 共同利用研究者(敬称略)	齋藤 大介 九州大学大学院理学研究院 教授 森本 愛深 九州大学大学院システム生命科学府 大学院生
6. 研究成果の概要及び今後の展望 / Outline of research results and future prospects	鳥類の始原生殖細胞(PGC)は、胚発生中にブレブという細胞突起を用いて移動を行い、培養下で圧迫刺激を加えると、ブレブを形成することが分かっている。そこで本研究では、胚内の移動におけるブレブ形成でも圧迫刺激が関与しているのかを検証するため、PGCが胚内の移動で実際に圧迫刺激を受けているのかを調べた。特に、PGCの移動経路である腸間膜組織における周辺細胞からの圧迫刺激に注目し、その解析を行なった。方法として、蛍光寿命によって膜張力を測定できるFlipper-TR染色を行い、圧迫刺激を加えた培養PGCと腸間膜内のPGCが同様の膜張力を持つのかを検証した。Flipper-TR染色による蛍光寿命の測定は、基礎生物学研究所のSTELLARIS 8 FALCONを利用した。解析の結果、無加圧の培養PGCと比較して、圧迫刺激を加えた培養PGCと腸間膜内のPGCで同程度の膜張力増加が起こった。これらの結果より、腸間膜内のPGCは、培養下で圧迫刺激を加えた場合と同様の膜張力を持つことから、圧迫刺激を受けていることが示唆された。今後は、腸間膜における圧迫刺激を操作し、その際のPGCのブレブなどの形態変化を解析することで、生体内の力学刺激が細胞移動の制御する機構の解明を目指す。

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-04-25
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 阿部 玄武 所属機関 (Institute) 鳥取大学 電話 (Phone no.)	部局 (Department) 医学部 FAX (FAX no.)	職 (Job Title) 准教授 E-Mail
--	--	---	--------------------------------

1. 種別 / Category	統合イメージング共同利用研究 / Collaborative research projects for integrative bioimaging
2. 課題番号 / Project number	25NIBB536
3. 研究課題名 / Research Project Title	魚類を用いた発生トラジェクトリーの経時的可視化と表現型の関係の解析
4. 所内対応者 / Host Researcher	亀井 保博
5. 共同利用研究者(敬称略)	渡辺 英治：基礎生物学研究所 超階層生物学センター(AI 解析室) 准教授 野中 茂紀：基礎生物学研究所 時空間制御研究室 准教授 添田 麗生：鳥取大 医学系研究科 大学院生 加藤 多佳子：鳥取大 医学系研究科 大学院生 大字 晃平：鳥取大 医学部 学部学生
6. 研究成果の概要及び今後の展望 / Outline of research results and future prospects	脊椎動物における新奇筋骨格系の進化機構を理解するため、本研究では、尾ヒレが有対化したTwin-tail形態に着目し、新たに出現する筋肉構造 medial caudal muscle (MCM) と周辺組織の解析を進めた。とくに、運動器官として機能するために重要な神経接続の成立様式に注目し、イメージング解析を行った。 本年度は、Twin-tail金魚を対象として、MCMが存在する領域へ進入する運動神経軸索の走行パターンを詳細に観察した。試料はZeiss Lightsheet 7 を用いて撮影し、取得した三次元画像データをImarisにより解析した。さらに光学切片画像を抽出することで、MCM周辺における神経軸索の立体的配置を高解像度で可視化した。その結果、MCM周辺における運動神経支配の立体的配置を明瞭に可視化することができ、個体間で複数の走行パターンが存在することを確認した。これにより、新奇筋肉構造に対する神経接続の成立様式を把握するとともに、その形成過程に一定の可塑性が存在する可能性が示された。 さらに、Twin-tailゼブラフィッシュを用いた同様の解析系についても条件検討を進め、観察手法の導入を試みた。現時点では予備的段階であるが、今後、金魚との比較解析を進めることで、大規模形態変化の初期段階における神経接続成立の可塑性と進化的安定化過程の理解につなげたい。

大型スペクトログラフ共同利用実験

25NIBB601 走光性微生物が形成する生物対流パターンの照射光波長依存性

末松 信彦 明治大学総合数理学部

25NIBB602 植物二次代謝産物クマリンが触媒する光増感反応によるケイヒ酸異性化メカニズムの解明

瀬戸 義哉 明治大学農学部

25NIBB603 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 基礎生物学研究所環境光生物学研究部門

25NIBB604 皮膚に発現する光受容体の活性化と細胞応答

山本 博之 愛知淑徳大学食健康科学部

25NIBB605 暗刺激で放卵するクラゲに作用する波長の探索

竹田 典代 広島大学大学院統合生命科学研究科

25NIBB606 クシクラゲの光回避行動を駆動するメカニズムの解析

城倉 圭 生命創成探究センター神経ネットワーク創発研究グループ

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-04-28
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 末松 信彦 所属機関 (Institute) 明治大学 電話 (Phone no.)	部局 (Department) 総合数理学部 FAX (FAX no.)	職 (Job Title) 専任教授 E-Mail
--	--	--	---------------------------------

1. 種別 / Category	大型スペクトログラフ共同利用実験 / Collaborative experiments using the Large Spectrograph
2. 課題番号 / Project number	25NIBB601
3. 研究課題名 / Research Project Title	走光性微生物が形成する生物対流パターンの照射光波長依存性
4. 所内対応者 / Host Researcher	亀井 保博
5. 共同利用研究者(敬称略)	森野直泰：明治大学大学院先端数理科学研究科 大学院生 / Naoyasu Morino: Meiji University, Graduate School of Advanced Mathematical Sciences, graduate student
6. 研究成果の概要及び今後の展望 / Outline of research results and future prospects	本研究課題では、ミドリムシの培養液にしたから光照射することで誘起する生物対流に着目し、対流パターンの照射光波長依存性を明らかにすることを目的として研究を行った。従来、白色光の平板光源を用いて照射して対流パターンを確認してきたが、光の波長への依存性はあまり知られていない。その一方で、ミドリムシの走光性の波長依存性についての報告は多くあり、短波長の光に応答し、長波長領域には応答しないことが知られている。これを踏まえて、大型スペクトログラフを用いて、1～2 nm程度の半値幅のほぼ単一波長の光を試料に下から均一に照射して、生物対流の波長依存性を明らかにした。今年度の実験では、400 nmから700 nmまでを50 nmごとに1、2回ずつ実験を行った。その結果、光応答性がほとんどないと言われている長波長側でも弱い生物対流の発生を確認することができた。中間領域の波長の光照射では全く生物対流が発生しなかったことから、重力走性による生物対流ではないと考えられる。 今後は、今回調整した生物対流実験の設定を踏まえて、波長依存性および光強度依存性を確認するとともに、個々のミドリムシの光応答性を確認して、生物対流の光波長依存性の機構を明らかにすることが望まれる。

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-04-27
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 瀬戸 義哉 所属機関 (Institute) 明治大学 電話 (Phone no.)	部局 (Department) 農学部 FAX (FAX no.)	職 (Job Title) 専任准教授 E-Mail
--	--	---	----------------------------------

1. 種別 / Category	大型スペクトログラフ共同利用実験 / Collaborative experiments using the Large Spectrograph
2. 課題番号 / Project number	25NIBB602
3. 研究課題名 / Research Project Title	植物二次代謝産物クマリンが触媒する光増感反応によるケイヒ酸異性化メカニズムの解明
4. 所内対応者 / Host Researcher	亀井 保博
5. 共同利用研究者(敬称略)	瀬戸義哉：明治大学農学部 准教授 都筑恵：明治大学農学研究科 大学院生 大串空：明治大学農学部 学部学生 関根一翔：明治大学農学部学部学生
6. 研究成果の概要及び今後の 展望 / Outline of research results and future prospects	ケイヒ酸のtrans体からcis体への異性化において、クマリンが光増感剤として機能することで、本反応を促進することを見出しており、大型スペクトログラフを用いることで、異性化を促進する波長を特定する実験を進めてきた。結果的に、300 nmより短い波長を照射した際には、既報のとおり、クマリン非依存的に自発的な異性化が起こる一方で、400 nmに近い超波長の紫外線を照射した際には、クマリンが異性化を促進する傾向がみられている。よって、励起波長の照射されたクマリンからケイヒ酸にエネルギー転移が起こることにより、異性化が促進されている可能性が示唆された。

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-04-17
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 小杉 真貴子 所属機関 (Institute) 基礎生物学研究所 電話 (Phone no.)	部局 (Department) 環境光生物学研究部門 FAX (FAX no.)	職 (Job Title) 特任助教 E-Mail
--	---	--	---------------------------------

1. 種別 / Category	大型スペクトログラフ共同利用実験 / Collaborative experiments using the Large Spectrograph
2. 課題番号 / Project number	25NIBB603
3. 研究課題名 / Research Project Title	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
4. 所内対応者 / Host Reseacher	亀井 保博
5. 共同利用研究者(敬称略)	該当なし
6. 研究成果の概要及び今後の展望 / Outline of research results and future prospects	これまでに青色光（400～500nm）の照射でPc-frLHCの遺伝子発現が抑制され、それ以外の可視光と遠赤色光の波長では発現が見られたことから、青色光レセプターを介しての発現抑制メカニズムが存在すると考えていた。しかし、青色光で長期間培養するとPc-frLHCの発現が起こるケースや、青色光を含む白色蛍光灯やLEDでPc-frLHCの発現が生じるケースがあることが分かった。今後、大型スペクトログラフの照射光と同時に別の波長光を照射し、Pc-frLHCの転写が抑制あるいは促進される条件を明らかにしたい。また、Pc-frLHCを介した遠赤色光の光合成への利用効率を詳細に解析するため、チラコイド膜状態での酸素発生活性の測定を試みた。単離後に液体窒素で保管したチラコイド膜は、690 nmで酸素発生活性を示したが700 nmより長波長では活性が見られなかった。一方で単離直後の非凍結チラコイド膜は710 nmで酸素発生活性を示した。このことから、凍結処理によりfrLHCからPSIIへのエネルギー移動に不具合が生じていることが示唆された。今後、インタクトなチラコイド膜で酸素発生活性の波長依存性を測定する。

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-04-12
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 山本 博之 所属機関 (Institute) 愛知淑徳大学 電話 (Phone no.)	部局 (Department) 食健康科学部 FAX (FAX no.)	職 (Job Title) 教授 E-Mail
--	--	--	-------------------------------

1. 種別 / Category	大型スペクトログラフ共同利用実験 / Collaborative experiments using the Large Spectrograph
2. 課題番号 / Project number	25NIBB604
3. 研究課題名 / Research Project Title	皮膚に発現する光受容体の活性化と細胞応答
4. 所内対応者 / Host Researcher	亀井 保博
5. 共同利用研究者(敬称略)	該当なし
6. 研究成果の概要及び今後の 展望 / Outline of research results and future prospects	これまでに、皮膚角化細胞に幾つかのオプシンが発現することを見出している。また、オプシンの活性の維持に必要なレチナール代謝に関わる酵素が角化細胞に発現していることを明らかにしてきた。さらに、ヒト皮膚線維芽細胞において青色光が短鎖型脱水素酵素3（DHRS3）の発現を特異的に低下させることを見出している。DHRS3はレチナールをレチノールへ還元する酵素であり、その発現低下はレチナールの蓄積を介してレチノイン酸の産生増加を引き起こす可能性がある。さらに、DNAマイクロアレイ解析により、青色光曝露とレチノイン酸刺激により類似した遺伝子発現変動が認められることを明らかにしている。これらのことから、青色光がレチノイド代謝を介して細胞応答を制御している可能性が示唆された。そこでこの仮説を検証するため、青色光曝露とレチノール添加が遺伝子発現に及ぼす影響について解析した。その結果、青色光を曝露した細胞では、レチノール添加により誘導される遺伝子発現変化が非曝露細胞と比較して増強されることが明らかとなった。すなわち、レチノイン酸により発現が上昇する遺伝子はより強く誘導され、逆に抑制される遺伝子はより顕著に低下した。これらの結果は、青色光曝露によりDHRS3の発現が低下することでレチノールからレチノイン酸への代謝が促進され、細胞内レチノイン酸量が増加している可能性を支持するものであった。現在は、青色光により発現が変動する遺伝子群を精査し、皮膚恒常性との関連についてさらなる検証を進めている。

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-04-21
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 竹田 典代 所属機関 (Institute) 広島大学 電話 (Phone no.)	部局 (Department) 大学院統合生命科学研究科 FAX (FAX no.)	職 (Job Title) 研究員 E-Mail
--	--	--	--------------------------------

1. 種別 / Category	大型スペクトログラフ共同利用実験 / Collaborative experiments using the Large Spectrograph
2. 課題番号 / Project number	25NIBB605
3. 研究課題名 / Research Project Title	暗刺激で放卵するクラゲに作用する波長の探索
4. 所内対応者 / Host Researcher	亀井 保博
5. 共同利用研究者(敬称略)	出口竜作：宮城教育大学 教授
6. 研究成果の概要及び今後の展望 / Outline of research results and future prospects	刺胞動物ヒドロ虫綱に属するクラゲの多くは、1日1回、光刺激に応答して配偶子を放出する。明タイプでは暗から明への光状態の変化が引き金となる。光受容特性は比較的明確で、完全な暗条件からごく弱い光を受容するだけで放卵が誘起され、有効波長は青～緑域であり、オブシンがその受容を担うことが知られている。 一方、暗タイプでは（明から暗への変化を刺激とする）、配偶子放出に関わる光受容特性は十分に解明されていない。 本研究では、暗タイプのエダアシクラゲ（<i>Cladonema pacificum</i>）を用い、配偶子放出に関わる波長特性の解明を目的とした。クラゲを白色光下に保持した後、450、500、550、600、650 nmの各単色光を照射し、その後の配偶子放出の有無を調べた。 その結果、すべての波長条件で配偶子放出が観察された。一方、卵成熟誘起ペプチド投与による産み残しの評価では、ある特定の波長でのみ産み残しが確認された。これらの波長はクラゲが明るいと認識している可能性を示唆する。 今後は再現性の検証に加え、25 nm間隔での照射実験により、クラゲが配偶子放出時に認識する波長のピークを明らかにする。

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-03-31
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 城倉 圭 所属機関 (Institute) 生命創成探究センター 電話 (Phone no.)	部局 (Department) 神経ネットワーク創発研究グループ FAX (FAX no.)	職 (Job Title) 若手研究者雇用特別研究員 E-Mail
--	---	--	---

1. 種別 / Category	大型スペクトログラフ共同利用実験 / Collaborative experiments using the Large Spectrograph
2. 課題番号 / Project number	25NIBB606
3. 研究課題名 / Research Project Title	クシクラゲの光回避行動を駆動するメカニズムの解析
4. 所内対応者 / Host Researcher	亀井 保博
5. 共同利用研究者(敬称略)	該当なし
6. 研究成果の概要及び今後の展望 / Outline of research results and future prospects	本研究では、クシクラゲの光回避行動を対象として、光入力から繊毛運動出力への変換機構の理解を目的に実験を行った。小型キューベット内における光強度勾配下での行動解析により、個体が明確に暗側へと移動・集積する再現性の高い行動パターンを定量的に確認した。さらに、波長および光強度を制御した条件下での解析から、特定の波長域に対して感受性の高い行動応答が誘導されることが示唆された。 加えて、繊毛運動の高速度撮影および定量解析により、光刺激条件に応じて繊毛拍動の周波数や方向性が変化することが明らかとなり、感覚入力が運動出力に変換される過程の一端が明らかになった。これらの結果は、クシクラゲにおける空間認識および明暗識別が、光受容細胞と繊毛運動制御系の協調的な働きによって実現されていることを支持する。 今後は、大型スペクトログラフを用いた高精度な波長依存性解析をさらに進めるとともに、オプシン分子や神経回路との対応関係を統合的に解析することで、光情報処理の分子・細胞・行動レベルの連関を明らかにする。また、これらの知見を基に、初期動物における感覚―運動統合の進化的起源や、神経系の基本原理の理解へと発展させることを目指す。

生物遺伝資源新規保存技術開発共同利用研究

25NIBB701 植物種子超低温保存におけるエピジェネティック修飾動態解析

伊藤 秀臣 北海道大学理学研究員

25NIBB702 ラット未受精卵の受精能改善および凍結保存法の開発

金子 武人 大阪公立大学獣医学研究科

25NIBB703 単為発生と卵巣凍結を利用したカイコ系統保存方法の開発

藤本 章晃 九州大学大学院農学研究院

25NIBB704 薬用植物トコン培養シュートの凍結保存技術開発に関する研究

梅原 三貴久 東洋大学生命科学部

25NIBB706 オタマボヤの未受精卵と初期胚の凍結保存技術の開発

小沼 健 鹿児島大学大学院理工学研究科

25NIBB707 カンキツの茎頂の凍結保存法の開発

間瀬 誠子 農業・食品産業技術総合研究機構果樹茶業研究部門

25NIBB708 単為発生能を保持・付与した遺伝子組換えカイコ作出用ホスト系統の品種育成

内野 恵郎 農業・食品産業技術総合研究機構生物機能利用研究部門

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-04-13
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 伊藤 秀臣 所属機関 (Institute) 北海道大学 電話 (Phone no.)	部局 (Department) 理学研究院 FAX (FAX no.)	職 (Job Title) 准教授 E-Mail
--	---	---	--------------------------------

1. 種別 / Category	生物遺伝資源新規保存技術開発共同利用研究 / Collaborative research projects for bioresource preservation technology development
2. 課題番号 / Project number	25NIBB701
3. 研究課題名 / Research Project Title	植物種子超低温保存におけるエピジェネティック修飾動態解析
4. 所内対応者 / Host Researcher	梅根 一夫
5. 共同利用研究者(敬称略)	・ 梅根 一夫：基礎生物学研究所 IBBPセンター 准教授 ・ 立松 圭：基礎生物学研究所 研究力強化戦略室 RMC准教授 ・ 牧 和摩：北海道大学 生命科学院 修士課程学生
6. 研究成果の概要及び今後の展望 / Outline of research results and future prospects	【研究成果の概要】 シロイヌナズナ種子を常温および低温条件（20℃、4℃、-30℃、-80℃）で最長6か月間保存し、その後の発芽過程における形態的变化（種皮の開裂、発芽、子葉の露出、子葉の緑化・展開）を約4日間追跡した。あわせて幼根長を測定し、保存条件ごとの発芽後成長を比較した。 その結果、6か月保存後の20℃区では発芽率の低下と幼根伸長の明らかな遅延が認められた。4℃区でも軽度の発芽率低下および初期成長の抑制が見られた。一方、-30℃区および-80℃区では、発芽率および初期成長に顕著な低下は認められず、低温保存、とくに超低温条件が種子活力の維持に有効であることが示唆された。これらの結果から、保存温度の違いが種子の生理活性および発芽能力に大きく影響し、超低温保存が長期保存法として有望であることが確認された。 【今後の展望】 今後は、野生型に加えてエピジェネティック変異体（drm1/drm2、ddm1、suvh系統）を用い、低温保存後の発芽能力におけるエピジェネティック制御の関与を検証する予定である。保存条件は解析効率を高めるため、20℃および-80℃、保存期間0か月および6か月に絞って比較する。 発芽試験と並行して、同一条件の種子からRNAを抽出し、RNA-seqによる網羅的遺伝子発現解析を実施することで、保存温度依存的に発芽へ影響する遺伝子群を同定する。また、保存中の酸化ストレス蓄積との関連を明らかにするため、活性酸素種（ROS）量の定量解析も行う。 さらに、保存種子におけるエピジェネティック修飾変動を明らかにするため、Whole Genome Bisulfite SequencingによるDNAメチル化解析、およびChIP-seqによるヒストン修飾（H3K4me2、H3K9me3）解析を進める。これらのオミクスデータを統合し、保存後の発芽率や初期成長に影響を及ぼす分子基盤を解明したい。本研究により、種子保存性と発芽能力を制御する新規エピジェネティック因子が明らかになれば、植物遺伝資源の長期安定保存技術の高度化や、農業・育種分野における種子品質維持技術への応用が期待される。

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-04-13
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 金子 武人 所属機関 (Institute) 大阪公立大学 電話 (Phone no.)	部局 (Department) 獣医学研究科 FAX (FAX no.)	職 (Job Title) 教授 E-Mail
1. 種別 / Category	生物遺伝資源新規保存技術開発共同利用研究 / Collaborative research projects for bioresource preservation technology development		
2. 課題番号 / Project number	25NIBB702		
3. 研究課題名 / Research Project Title	ラット未受精卵の受精能改善および凍結保存法の開発		
4. 所内対応者 / Host Researcher	梅根 一夫		
5. 共同利用研究者(敬称略)	該当なし		
6. 研究成果の概要及び今後の展望 / Outline of research results and future prospects	ラットにおいて、フリーズドライした精子から正常な産子を得ることに成功し、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。しかしながら、その作製効率は低いことから、本研究ではこれらの原因が卵子の染色体形成や膜構造に原因があると判断し、作製効率向上に向けた検討を行った。 本研究では、作製効率低下の原因が自発的活性化による染色体異常であることを明らかにした。そこで、培養液にMG132を添加することにより体外における卵子の自発的活性化および染色体異常を抑制することに成功した。さらに、これらの卵子を凍結保存した結果、凍結保存後の卵子においても自発的活性が抑制され、精子と受精した後も正常に産子にまで発生することを確認した。 さらに本研究では、これまで卵子の回収が極めて困難であったBNラットにおいて、効率的に卵子を回収する方法の開発に初めて成功した。		

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-04-06
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 藤本 章晃 所属機関 (Institute) 九州大学 電話 (Phone no.)	部局 (Department) 大学院農学研究院 FAX (FAX no.)	職 (Job Title) 学術研究員 E-Mail
--	--	--	----------------------------------

1. 種別 / Category	生物遺伝資源新規保存技術開発共同利用研究 / Collaborative research projects for bioresource preservation technology development
2. 課題番号 / Project number	25NIBB703
3. 研究課題名 / Research Project Title	単為発生と卵巣凍結を利用したカイコ系統保存方法の開発
4. 所内対応者 / Host Researcher	梅根 一夫
5. 共同利用研究者(敬称略)	藤井 告：九州大学大学院農学研究院 准教授 佐原 健：岩手大学農学部 教授
6. 研究成果の概要及び今後の展望 / Outline of research results and future prospects	カイコは、突然変異系統、地域在来種、遺伝子組換え体など、多種多様な遺伝資源が収集・保存されている昆虫である。しかし、生体として保存可能な個体数には制限があるため、生殖巣（卵巣、精巣、または精子）の凍結保存が主要な保存方法として用いられている。本研究では、凍結保存された卵巣卵からの系統復元率向上を目的とした、単為発生を利用した雌クローン体の復元手法の樹立を試みた。 単為発生は、卵巣凍結保存後に得られる限られた数の胚から凍結保存した雌のクローンを再構築・増殖できる点で、遺伝資源保存における再現性および効率性の大幅な向上が期待できる。カイコの単為発生は交雑種では安定的に継代可能である一方、高度にホモ接合化された系統（純系）や近交系では、孵化個体がほとんど得られないことが知られている。本研究では、この現象がドナー側の遺伝的性質に起因するのか、もしくはレシピエント側因子の影響によるものかを明らかにし、従来不可能とされてきた純系および近交系での単為発生による継代方法樹立を目的として調査を行った。 遺伝子組換え実験に広く利用されている純系のp50およびw48系統を対象とした、卵巣卵での単為発生処理では、単為発生が進む個体も確認できたが、孵化個体は得られなかった。F1個体（p50×w48、w48×p50）を用いた単為発生処理および孵化調査では、単為発生系統と同等な孵化率で孵化個体が確認された。この結果から、ゲノムのヘテロ性が単為発生および孵化の成功において重要な要因であることが改めて確認された。次に、単為発生によって長年維持されている系統をレシピエントとして、p50の卵巣移植を行い、単為発生および孵化率の評価を試みた。しかし、移植された個体が成虫になる前に致死した。これは、系統間差による生育期間の不一致や、移植による物理的なストレス耐性の違いなどが影響した可能性が高いと考えられる。そこで、当研究室において卵巣凍結保存のレシピエントとして利用している交雑種NB2（xe28×p20）を代替レシピエントとして利用可能か評価を行った。その結果、NB2においても単為発生および孵化個体の獲得に成功し、レシピエントとして利用可能であることが示唆された。一方で、単為発生系統と比較すると孵化率は個体差が大きく、高いものでも10-20%程度と低かった。今後はNB2を単為発生で継代し、高孵化率を示す系統を樹立した上で、移植実験を通じてレシピエント側からの因子の有無を解析する予定である。また、孵化に至らなかった卵から胚子を回収し染色体像を観察したところ、染色体数の異常な倍加が推測された。このことから、減数分裂のスキップが正常に起こらなかった胚が孵化に至らない可能性が示唆された。今後は、減数分裂および初期細胞分裂過程に着目した解析を行うことで、単為発生の成功率向上につながると期待される。

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-04-29
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 梅原 三貴久 所属機関 (Institute) 東洋大学 電話 (Phone no.)	部局 (Department) 生命科学部 FAX (FAX no.)	職 (Job Title) 教授 E-Mail
1. 種別 / Category	生物遺伝資源新規保存技術開発共同利用研究 / Collaborative research projects for bioresource preservation technology development		
2. 課題番号 / Project number	25NIBB704		
3. 研究課題名 / Research Project Title	薬用植物トコン培養シュートの凍結保存技術開発に関する研究		
4. 所内対応者 / Host Researcher	梅根 一夫		
5. 共同利用研究者(敬称略)	岡崎 夏鈴：理化学研究所環境資源科学研究センター 基礎科学特別研究員 / Karin Okazaki: RIKEN Center for Sustainable Resource Science, special postdoctoral researcher 竹内 紗文：東洋大学生命科学部 学部学生 / Saya Takeuchi: Toyo University, Faculty of Life Sciences, undergraduate student		
6. 研究成果の概要及び今後の展望 / Outline of research results and future prospects	多くの植物種において、不定芽形成には培地へのオーキシンやサイトカイニンなどの植物ホルモン添加が必要である。一方、熱帯雨林原産の薬用植物トコン（Carapichea ipecacuanha）は、植物ホルモン無添加条件下でも、節間切片および根端切片から自発的に不定芽を形成する特異な能力を有する。先行研究では、節間切片の莖頂側ではオーキシン濃度が低下し、それに伴ってサイトカイニン生合成が活性化することで、WUSCHELなどのシュート形成関連遺伝子の発現が誘導され、不定芽形成が促進されることが示されている。一方、基部側ではオーキシンが蓄積し、節間切片の切断部位にカルスが形成される。これらの知見から、内生サイトカイニンレベルの増加が組織の運命決定に重要な役割を果たすと考えられる。トコンにおける不定芽形成の分子メカニズムを解明するためには、形質転換実験が不可欠である。しかしながら、日本ではトコンの種子繁殖が困難であり、形質転換体の維持には長期の継代培養を要するため、多大な労力がかかる。そこで本研究では、形質転換体の長期保存を目的として、トコンの超低温保存条件の確立を目指した。 まず、2025年8月に実施された「大学生のための夏の実習」に参加し、カンキツを材料とした超低温保存方法に関する実習を通じて、基本的手法を習得した。次に、ゼニゴケ無性芽の超低温保存方法を参考にトコンの超低温保存を試みたが、超低温処理後に成長を再開する不定芽は認められなかった。この結果から、超低温保存の各工程における条件の最適化が必要であると判断した。そこで予備検討として、節間切片から切り出した不定芽が継続的に成長可能かを評価した。その結果、小型の不定芽は変色して枯死することが明らかとなった。次に、超低温保存に使用する不定芽のサイズが生存率に与える影響を評価した。切り出した不定芽を0.8 mm以上と未満のものに分類し、5週間培養した。その結果、0.8 mm以上1 mm未満の不定芽の生存率は50.0%、0.2-0.8 mm未満では5.6%だった。次に、0.8 mm以上1 mm未満の不定芽における再生培地条件が生存率に与える影響を評価した。培地はB5培地を基本培地とし、微生物増殖抑制剤であるPPMの影響を検討した。生存率の差は、B5培地では50.0%、B5+0.1%PPM培地では55.6%だった。さらに、長さ2 mmの根端切片を切り出し、同様にB5培地とB5+0.1%PPM培地で5週間培養し、生存率を評価した。その結果、B5培地では55.6%の生存率が認められたのに対し、B5+0.1%PPM培地では生存率は0%であった。以上より、PPMは不定芽の生存には顕著な影響を及ぼさない一方で、根端の伸長を著しく抑制することが明らかとなった。このため、根端切片を用いた超低温保存においてはPPMを添加しない条件が適切であると判断された。		

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-04-29
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 小沼 健 所属機関 (Institute) 鹿児島大学 電話 (Phone no.)	部局 (Department) 大学院理工学研究科 FAX (FAX no.)	職 (Job Title) 准教授 E-Mail
1. 種別 / Category	生物遺伝資源新規保存技術開発共同利用研究 / Collaborative research projects for bioresource preservation technology development		
2. 課題番号 / Project number	25NIBB706		
3. 研究課題名 / Research Project Title	オタマボヤの未受精卵と初期胚の凍結保存技術の開発		
4. 所内対応者 / Host Researcher	梅根 一夫		
5. 共同利用研究者(敬称略)	小沼健：鹿児島大学大学院理工学研究科 准教授 梅根一夫：基礎生物学研究所 IBBPセンター 准教授 金子武人：大阪公立大学獣医学研究科 教授 渡部夏菜子：鹿児島大学大学院理工学研究科 修士1年		
6. 研究成果の概要及び今後の展望 / Outline of research results and future prospects	脊索動物ワカレオタマボヤは、世界中の海に分布するプランクトンである。卵が80μmあまりと小さく、世代時間が短く、研究室での継代飼育ができるなどの特徴を備える。これを活用して、卵や胚の凍結保存を試みた。主な成果を述べる。 （１）昨年度に、凍結保護剤としてDMSOよりもエチレングリコール (EG)の方が毒性が少ないことを見出して、これに着目して、まずはEGの濃度を検討した。その結果、5%であれば処理した卵が受精・発生することがわかった。 （２）受精後の胚をもちいて、EG処理するのに適した発生ステージを検討した。8細胞期（受精後30分ほど）、16細胞期（45分ほど）、32細胞期（53分ほど）、受精後1.5時間（原腸陥入後）、2時間（尾芽胚）それぞれで検討したところ、2時間胚がEG処理に対して耐性があり、EGの洗浄後に発生することがわかった。 （３）透過性のEG単体では毒性があるので、非透過性の凍結保護剤であるスクロース (SU)を加えることを試みた。その結果、SUによりEGの毒性が下がり、洗浄後に形態形成の完了あたりまで発生する個体が出現する可能性を示した。 これによって、EG（透過性）とSU（非透過性）の保護剤が有効である可能性を見出した。液体窒素によるガラス化を試したが、生存個体は得られなかったので、その改善を試みる。今後の展望は以下の通りである。 展望１．溶液量を減らして凍結・解凍を試みる。Cryopreservation conferenceにおいて、液体窒素での凍結の際にもちいる液量を10 μlあまりに減らすことや、解凍を50℃下で一気に行うことで、動物胚や培養細胞の生存率が高まると聞いたので、この工夫を適したい。オタマボヤの胚は小さいので、このような工夫を施すことができる。 展望２．ウニの凍結保護のプロトコルを適用する。近年、オタマボヤと同じ海産動物であるウニにおいて、ガラス化による凍結保存ができることが報告された (Dev Dyn 2025)。そのプロトコルのポイントは、透過性保護剤としてDMSO・非透過性保護剤としてグリセロール・他にもタンパク質を混ぜてあることや、毒性のあるDMSOを10回に分けて加えて徐々に濃度を高めていくことにあった。この適用を試みる。結果によっては、この2年の経験で得られた、EGやSUに置き換える修正を施すことも考える。 展望３．他の凍結保護剤を検討していく。透過性、非透過性いずれもまだ試していない溶媒があるので、オタマボヤの生存率を高める可能性があるものを探す。 展望４．緩慢凍結法を試みる。代表者の研究室では線虫をこの方法でグリセロールを用いて緩慢凍結して保存しているので、こちらをpositive controlにして検討を進める。金沢大学の黒田博士のグループが極性イオンをもちいた凍結を検討されているので、このイオンを分けていただき検討を進める。こちらは個体レベルで適用した例がないので、線虫の保存じたいも新しい試みになり得る。		

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-05-14
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 間瀬 誠子 所属機関 (Institute) 農業・食品産業技術総合研究機構 電話 (Phone no.)	部局 (Department) 果樹茶業研究部門 FAX (FAX no.)	職 (Job Title) 上級研究員 E-Mail
--	---	--	----------------------------------

1. 種別 / Category	生物遺伝資源新規保存技術開発共同利用研究 / Collaborative research projects for bioresource preservation technology development
2. 課題番号 / Project number	25NIBB707
3. 研究課題名 / Research Project Title	カンキツの茎頂の凍結保存法の開発
4. 所内対応者 / Host Researcher	梅根 一夫
5. 共同利用研究者(敬称略)	・後藤新悟：（国研）農業・食品産業技術総合研究機構 果樹茶業研究部門 果樹基盤研究領域・果樹茶育種基盤グループ長 / Shingo GOTO: NARO, Institute of Fruit Tree and Tea Science, Division of Fruit Tree Core Research, Fruit Tree and Tea Genome Group, Leader ・野中圭介：（国研）農業・食品産業技術総合研究機構 果樹茶業研究部門 カンキツ研究領域 カンキツ育種グループ長 / Keisuke NONAKA: NARO, Institute of Fruit Tree and Tea Science, Division of Citrus Research, Citrus Breeding Group, Leader
6. 研究成果の概要及び今後の展望 / Outline of research results and future prospects	【研究成果の概要】 本研究では、カンキツの栄養繁殖系統を対象とした超低温保存技術の確立を目的として、茎頂および腋芽を用いた保存系の構築を進めた。カンキツは種子繁殖による形質維持が困難であり、栄養繁殖に依存するため、長期的な遺伝資源保存技術の確立が重要である。 まず、複数品種の茎頂および腋芽を用いた培養条件の検討を行い、培地組成や植物ホルモン条件が再生率に影響することを明らかにした。特に、木本植物向け培地を基盤とした条件において、安定した培養および再生が可能であることを確認した。 次に、ガラス化法を用いた超低温保存条件の検討を進め、前培養、浸透圧調整処理、ガラス化処理を組み合わせた基本的な保存プロトコルを構築した。複数のカンキツ品種に適用した結果、保存後の生存率および再生率には品種間差が存在することが明らかとなった。 さらに、保存前処理として低温耐性を付与する条件について検討を行い、特定の処理条件により保存後の生存率が向上する傾向を確認した。一方で、その効果は品種依存的であり、汎用的な条件の確立には課題が残された。 以上より、本年度はカンキツ茎頂の超低温保存に関する基盤的技術の構築と、保存性に影響する要因の整理を行い、複数品種において保存後の生存および再生を確認することができた。 【今後の展望】 今後は、本研究で得られた基盤技術をもとに、以下の点について研究を進展させる。 第一に、培養条件および保存前処理条件のさらなる最適化を行い、品種間差を考慮した高効率な保存プロトコルの確立を目指す。特に、前培養条件、浸透圧処理、およびガラス化処理の精密な条件検討を行う。 第二に、低温耐性付与機構の解明を進める。保存前処理が細胞のストレス応答や膜安定性に与える影響について解析し、保存成功率向上のための理論的基盤を構築する。 第三に、カンキツ品種間の保存性の違いに着目し、遺伝的背景と保存耐性の関係を明らかにする。カンキツは複数の祖先種に由来する複雑な遺伝構造を有しており、この遺伝的多様性が保存性に影響する可能性がある。さらに、超低温保存後の茎頂を利用した接ぎ木による個体再生系の確立を進め、保存技術を実際の遺伝資源保存および利用へと展開する。 最終的には、本研究成果を基盤として、カンキツを含む果樹に適用可能な高効率かつ汎用的な超低温保存技術の確立を目指す。

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-04-30
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 内野 恵郎 所属機関 (Institute) 農業・食品産業技術総合研究機構 電話 (Phone no.)	部局 (Department) 生物機能利用研究部門 FAX (FAX no.)	職 (Job Title) 上級研究員 E-Mail
--	---	--	----------------------------------

1. 種別 / Category	生物遺伝資源新規保存技術開発共同利用研究 / Collaborative research projects for bioresource preservation technology development
2. 課題番号 / Project number	25NIBB708
3. 研究課題名 / Research Project Title	単為発生能を保持・付与した遺伝子組換えカイコ作出用ホスト系統の品種育成
4. 所内対応者 / Host Researcher	梅根 一夫
5. 共同利用研究者(敬称略)	・飯塚哲也：国立研究開発法人 農業・食品産業技術総合研究機構 生物機能利用研究部門 絹糸昆虫高度利用研究領域 カイコ基盤技術開発グループ グループ長補佐
6. 研究成果の概要及び今後の展望 / Outline of research results and future prospects	本研究目的は、遺伝子組換えカイコ（組換えカイコという）の作出に用いられるホスト系統を改変しあらかじめ単為発生能を付与したホスト系統を作出することにある。カイコには単為発生系統と呼ばれる特殊な系統が存在し、未授精卵をある温度条件下で処理することにより個体発生を開始させることができ、それら発生した個体はすべての雌個体となる。本研究では、二つのアプローチで研究を行った。アプローチ1では、低いながら単為発生能を有することが知られている雌雄を有する有性系統をゲノム編集技術により組換えカイコの作出に適した非休眠カイコに改変することを目指し、アプローチ2では、単為発生能を持たないカイコ（有性系統）と単為発生系統を交配し交雑育種により有性系統でありながら雌個体内の未受精卵が高い単為発生能を有する系統の作出を目指した。 まず、アプローチ1では、実験に用いた6つの有性系統の単為発生率を調べたところ、それらの孵化率は18.1～28.5%の間にあった。これらの系統について休眠遺伝子のTALENによるターゲット領域のゲノム配列情報を確認したところ、6系統中5系統でターゲット領域の配列の保存性が確認できた。配列保存性が確認できた5系統を用いて、TALENによる休眠遺伝子のノックアウト（KO）実験を行った結果、3つの系統で非休眠個体の出現が認められた。現在は得られた非休眠個体の形質個体固定（系統化）を行っている。一方、アプローチ2では、高い単為発生能（50%以上の発生率）を有する単為発生系統（H31, P14）の雌蛾に有性系統（白CS, 610）の雄蛾を交配し、次世代以降の雄蛾をそれぞれの単為発生系統雌蛾と7回以上の戻し交配、あるいは兄妹交配を繰り返し行ったが（計17世代）、各世代において雌蛾体内から回収した未受精卵に単為発生能の向上は認められなかった。また、兄妹交配で産卵された17世代目の卵の孵化率は平均で5%しかなく、本アプローチでの目標達成は難しいと判断された。 今後は、アプローチ2は実験を終了として、アプローチ1で得られた非休眠カイコを用いて組換えカイコの作出と作出される組換えカイコを用いて卵巣凍結と個体再生実験を行い、アプローチ1で作出された系統の卵巣による凍結保存の有効性を検証する予定である。

研究会

25NIBB801 食物網を介した必須脂肪酸供給の不均一性と生態系間の相互作用および代謝適応

石川 麻乃 東京大学大学院新領域創成科学研究科

25NIBB803 Decoding genetic, cellular, and ontogenetic behavior in organismal evolution lost in deep time

中村 哲也 Rutgers University(Human Genetics Institute of New Jersey)Department of Genetics

25NIBB805 ミクロ研究とマクロ研究を繋ぐ双方向的な基礎生物学研究の基盤形成: 行動学を軸とするアプローチ

西海 望 新潟大学創生学部/大学院自然科学研究科

25NIBB806 第3回 盗機能研究会「リユース生物学の最前線」

前田 太郎 慶應大学先端生命科学研究所

25NIBB807 細胞・個体・群集が示す多様な環境応答機構の超階層生物学

豊田 賢治 広島大学統合生命科学研究科

25NIBB808 人機協働で挑む表現型の新解釈

西谷 直之 岩手医科大学薬学部

25NIBB809 Basal metazoan workshop at NIBB ー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ー

中嶋 悠一郎 東京大学大学院薬学系研究科

25NIBB810 新規モデル両生類イベリアトゲイモリの巨大ゲノム解読プロジェクト成果報告会

林 利憲 広島大学両生類研究センター

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-05-16
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 石川 麻乃 所属機関 (Institute) 東京大学 電話 (Phone no.)	部局 (Department) 大学院新領域創成科学研究科 FAX (FAX no.)	職 (Job Title) 准教授 E-Mail
--	--	---	--------------------------------

1. 種別 / Category	研究会 / NIBB workshops
2. 課題番号 / Project number	25NIBB801
3. 研究課題名 / Research Project Title	食物網を介した必須脂肪酸供給の不均一性と生態系間の相互作用および代謝適応
4. 所内対応者 / Host Researcher	重信 秀治
5. 共同利用研究者(敬称略)	壁谷 尚樹、東京海洋大学大学院海洋科学技術研究科、准教授 永田 晋治、東京大学大学院新領域創成科学研究科、教授 佐藤 拓哉、京都市生態学研究センター、教授 大原 裕也、静岡県立大学食品栄養科学部、助教 藤林 恵、九州大学工学研究院、准教授 木庭 啓介、京都市生態学研究センター、教授 坂巻 隆史、東北大学大学院工学研究科、准教授
6. 研究成果の概要及び今後の展望 / Outline of research results and future prospects	2025年10月16-17日に基礎生物学研究所の会議室にて、以下のプログラムで研究会「脂肪酸がつなぐマルチスケール生物学 FATHOM-Bio: Fatty Acids Tying Hierarchies Of Multi-scale Biology」を開催した。 10月16日（木） 13:00～13:10 : 開会の挨拶 13:10～13:30 : 壁谷 尚樹 東京海洋大学学術研究院 「無脊椎動物における多価不飽和脂肪酸生合成酵素の多様性」 13:30～13:40 : 花井 雅治 東京海洋大学大学院海洋科学技術研究科 「海産カイアシ類における新規DHA生合成機構の存在を探る」 13:40～14:00 : 大原 裕也 静岡県立大学食品栄養科学部 「土壌昆虫・トビムシが獲得した長鎖オメガ3脂肪酸合成経路の役割に迫る」 14:00～14:20 : 永田 晋治 東京大学大学院新領域創成科学研究科 「昆虫を中心とした無脊椎動物の脂質利用と生態内移動について」 14:20～14:40 : 藤林 恵 九州大学工学研究院 「脂肪酸を指標とした水圏生態系の健全性評価」 14:40～15:00 : 坂巻 隆史 東北大学大学院工学研究科 「沿岸海域の物質動態と養殖漁業に関する研究での脂肪酸の利用」 15:10～15:30 : 石川 麻乃 東京大学大学院新領域創成科学研究科 「トゲウオから見る新規環境進出と脂肪酸代謝」 15:30～15:40 : 馬 亦涵 東京大学大学院新領域創成科学研究科 「イトヨ近縁種の温度耐性と脂肪酸代謝に関する分子遺伝学的解析」 15:40～16:00 : 木庭 啓介 京都市生態学研究センター 「生物が駆動する物質循環:BiogeochemistryのBioを再検討する」 16:00～16:20 : 佐藤 拓哉 京都市生態学研究センター 「生物間相互作用が紡ぐ森林-河川生態系の連環:長鎖多価不飽和脂肪酸の双方向フローの理解に向けて」 16:20～16:40 : 目戸 綾乃 京都市生態学研究センター 「森林・河川生態系における動物の移動を介した長鎖多価不飽和脂肪酸の輸送とその生態学的意義」 10月17日（金） 総合討論、共同利用研究打合せ また、本研究会に引き続き、日本農芸化学会2026年度大会「生物多様性から考える生態・生体内の化学物質フロー」と、第73回日本生態学会シンポジウム「脂肪酸がつなぐマルチスケール生態学：分子から生態系、個体から進化まで」を開催した。

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-05-08
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 中村 哲也 所属機関 (Institute) Rutgers University(Human Genetics Institute of New Jersey) 電話 (Phone no.)	部局 (Department) Department of Genetics FAX (FAX no.)	職 (Job Title) Associate Professor E-Mail
1. 種別 / Category	研究会 / NIBB workshops		
2. 課題番号 / Project number	25NIBB803		
3. 研究課題名 / Research Project Title	Decoding genetic, cellular, and ontogenetic behavior in organismal evolution lost in deep time		
4. 所内対応者 / Host Researcher	亀井 保博		
5. 共同利用研究者(敬称略)	亀井 保博 基礎生物学研究所超階層生物学センター RMC 教授 / Yasuhiro Kamei, National Institute for Basic Biology, Promotion office, RMC professor, 野中 茂紀 基礎生物学研究所時空間制御研究室 准教授 / Shigenori Nonaka, Spatiotemporal Regulations, National Institute for Basic Biology, , associate professor, 田中祥貴 岡山大学理学部プロジェクトリーダー / Yoshitaka Tanaka, Okayama university, Ushimado Marine Institute, project leader 松原 遼 鳥取大学医学部 助教 / Haruka Matsubara, Tottori university, medical school, assistant professor 越智 陽城 神戸大学大学院理学研究科 教授 / Haruki Ochi, Kobe University, Graduate School of Science, professor 守山 裕大 青山学院大学物理科学科 助教 / Yuuta Moriyama, Aoyama Gakuin University, Department of Physics, assistant professor 阿部 玄武 鳥取大学医学部 准教授 / Gembu Abe, Tottori university, medical school, associate professor 川村 哲規 埼玉大学 理学研究科 准教授 / AKionri Kawamura, Graduate School of Science and Engineering, associate professor		
6. 研究成果の概要及び今後の展望 / Outline of research results and future prospects	今回の研究会では、超階層生物学の目指す分野と階層を横断する様々な研究分野の研究者に参加して頂き、発表して頂くことで議論を行なった。発生生物学、物理学、光学、遺伝学等の専門家に参加していただいたことから、生物現象、特に動物の体づくりと進化のメカニズムを今までの枠組みに取られることなく、ユニークな視点から理解することを目指した意見が活発に交換された。申請者である中村哲也の研究課題についても、現在取り組んでいる複数の実験に対して、様々な解決策を提案して頂き、今後の方針を決める上でとても重要な研究会となった。またこの研究会の議論を通して新しい共同研究が始まっており、新たなネットワークの構築と今までとは異なる方向性の研究分野を切り開く気になったと考えている。 今後さらに2年間、超階層生物学の研究を進め、それと並行して研究会を開催することで、申請者本人の研究だけではなく、関連分野の研究者間でも超階層生物学の概念のもとにユニークな研究を創出していくことを狙いとしている。		

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-04-29
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 西海 望 所属機関 (Institute) 新潟大学 電話 (Phone no.)	部局 (Department) 創生学部/大学院自然科学研究科 FAX (FAX no.)	職 (Job Title) 特任准教授 E-Mail
--	---	---	----------------------------------

1. 種別 / Category	研究会 / NIBB workshops
2. 課題番号 / Project number	25NIBB805
3. 研究課題名 / Research Project Title	ミクロ研究とマクロ研究を繋ぐ双方向的な基礎生物学研究の基盤形成: 行動学を軸とするアプローチ
4. 所内対応者 / Host Reseacher	東島 真一
5. 共同利用研究者(敬称略)	西海 望：新潟大学大学院総合学術研究科 特任准教授 田中良弥：名古屋大学大学院理学研究科 講師 小長谷達郎：奈良教育大学理科教育講座 准教授 左倉和喜：基礎生物学研究所進化発生研究部門 学振若手研究者雇用特別研究員 松田直樹：京都大学大学院農学研究科 特定助教 田中智弘：東京工業大学生命理工学院 連携研究者 谷本昌志：生命創成探究センター神経ネットワーク創発研究グループ 助教 谷山克也：国土館大学政経学部政治行政学科 講師 太田菜央：兵庫県立人と自然の博物館生態研究グループ 研究員
6. 研究成果の概要及び今後の展望 / Outline of research results and future prospects	申請者を代表とする「行動生物学研究会」は、動物行動学を軸として、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活動している。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。本年度は、講演会を2025年度4月から翌年3月まで毎月1回実施した。合計12の講演がなされ、そのうち10件はオンライン形式、残り2件はハイブリッド形式の構成となった。参加登録者は増加傾向にあり、実施年度末時点で1800名に達した(図1、重複登録数および退会者数を除外済み)。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、海外からの参加者もあり、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、間違え意見交換がなされた。講演後の交流会では、メタバースを活用することで、現地参加に近い自由度の高い交流の場が用意された。これによって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。会計上の報告としては、オンライン交流会4回分のオンライン対話ツール利用料に、共同利用研究制度予算を当てさせていただいた。そのおかげで多くの参加者が集うことにつながったと感じている。今後の展開としては、引き続きこの研究会活動を進めていく予定である。

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-05-01
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 前田 太郎 所属機関 (Institute) 慶應大学 電話 (Phone no.)	部局 (Department) 先端生命科学研究所 FAX (FAX no.)	職 (Job Title) 特任助教 E-Mail
--	--	---	---------------------------------

1. 種別 / Category	研究会 / NIBB workshops
2. 課題番号 / Project number	25NIBB806
3. 研究課題名 / Research Project Title	第3回 盗機能研究会「リユース生物学の最前線」
4. 所内対応者 / Host Reseacher	重信 秀治
5. 共同利用研究者(敬称略)	該当なし
6. 研究成果の概要及び今後の 展望 / Outline of research results and future prospects	第3回盗機能研究会は2025年10月22日（水）に開催され、基礎生物学研究所にて計8題の招待講演が行われた。 （添付資料参照）葉緑体・毒素・住居・行動操作にわたる多様な「盗用形質」が並置され、リユース生物学が 分類群を越えた普遍的枠組みとして成立し得ることが示された。

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-04-25
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 豊田 賢治 所属機関 (Institute) 広島大学 電話 (Phone no.)	部局 (Department) 統合生命科学研究科 FAX (FAX no.)	職 (Job Title) 助教 E-Mail
--	--	---	-------------------------------

1. 種別 / Category	研究会 / NIBB workshops
2. 課題番号 / Project number	25NIBB807
3. 研究課題名 / Research Project Title	細胞・個体・群集が示す多様な環境応答機構の超階層生物学
4. 所内対応者 / Host Reseacher	亀井 保博
5. 共同利用研究者(敬称略)	招待講演者 ・小口 晃平 (東京大学 三崎臨海実験所) ・梶本 麻未 (神奈川大学 総合理学研究所) ・森田 俊平 (東北大学 浅虫臨海実験所) ・前田 太郎 (慶應大学 先端生命科学研究所) ・岩崎 藍子 (東北大学 浅虫臨海実験所) ・友井 拓実 (埼玉大学 理工学研究科) ・山崎 将太郎 (大阪大学 微生物病研究所) ・坂本 丞 (生理学研究所)
6. 研究成果の概要及び今後の 展望 / Outline of research results and future prospects	2025年10月26日(日)に基礎生物学研究所 明大寺キャンパス 1階会議室において「細胞・個体・群集が示す多様な環境応答機構の超階層生物学」と題して本グループのキックオフ会議を開催した。本グループ内外から8名の招待演者を招聘し、動植物の垣根を取り払ったさまざまな研究対象を研究する若手研究者に講演いただいた。

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-04-29
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 西谷 直之 所属機関 (Institute) 岩手医科大学 電話 (Phone no.)	部局 (Department) 薬学部 FAX (FAX no.)	職 (Job Title) 教授 E-Mail
--	--	---	-------------------------------

1. 種別 / Category	研究会 / NIBB workshops
2. 課題番号 / Project number	25NIBB808
3. 研究課題名 / Research Project Title	人機協働で挑む表現型の新解釈
4. 所内対応者 / Host Researcher	亀井 保博
5. 共同利用研究者(敬称略)	該当なし
6. 研究成果の概要及び今後の展望 / Outline of research results and future prospects	人工知能（AI）の社会実装が加速する一方で、生物学研究における応用は依然として限定的である。膨大な数値データの統計学的処理・解析は日常的に行われているが、多次元変量の総和として現れる生物の表現型や行動といった高次情報を、人力のみで偏りなく解析することは極めて困難である。このため、今後の生物学においてはヒトと機械の協働が避けられない課題となっている。本ワークショップでは、生物の表現型に基づく「外来刺激に対する生物応答研究の事例」と、それらの「高次解析にAIを活用した研究事例」を取り上げた。本ワークショップは、2026年3月16日（月）13時30分から17日（火）12時まで、基礎生物学研究所明大寺地区1階会議室において開催した。 本ワークショップは、超階層生物学共同利用研究の申請課題「表現型識別AIを用いたオフターゲットスペクトル解析法の構築」（研究代表者：岩手医科大学 西谷直之）の成果報告会を兼ねて開催した。まず申請者は、薬剤のオフターゲット作用に対するゼブラフィッシュ胚の発生過程の応答と、その表現型解析へのAIの応用に関する研究成果を報告した。 「外来刺激に対する生物応答研究の事例」については、青山学院大学の平田普三先生、広島大学の本庶仁子先生、岩手医科大学の米澤穂波先生にご講演いただいた。平田先生には、化学物質の生殖発生毒性試験へのゼブラフィッシュの応用と、国際標準化を目指した基盤構築の試みについてご発表いただいた。本庶先生には、放射線照射に対するゼブラフィッシュ初期胚の応答を、遅延性アポトーシスの観点からご報告いただいた。米澤先生には、ゼブラフィッシュ胚の表現型を利用したWnt経路阻害薬の探索と標的分子の同定、さらにその臨床応用の可能性についてご発表いただいた。 「高次解析にAIを活用した研究事例」については、基礎生物学研究所の渡辺英治先生、日本女子大学の深町昌司先生、金沢大学の堀亜紀先生、岩手医科大学の氏家悠貴先生にご講演いただいた。渡辺先生には、錯視画像の機械学習およびAIによる生成を通じて視覚の本質に迫る研究についてご発表いただいた。深町先生には、ドローンおよび定点カメラを用いた野生メダカの生態観察へのAI応用事例についてご報告いただいた。堀先生には、ショウジョウバエの攻撃行動の動画解析におけるAIの応用事例についてご発表いただいた。氏家先生には、ヒトがん細胞株のトランスクリプトームの多次元解析に機械学習を用いた抗がん剤感受性予測モデルと、その個別最適化への応用可能性についてご発表いただいた。 本ワークショップで取り上げた、形態変化や行動といった非線形の表現型データの解析は、AIの活用により、従来の断片的な理解を超えて、より客観的かつ統合的、さらに予測的に把握できるようになることが期待される。現在は萌芽の段階にあるAIの利用も、将来的には生物学に新たな理解の枠組みと方法論をもたらすことが期待される。

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-04-30
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 中嶋 悠一郎 所属機関 (Institute) 東京大学 電話 (Phone no.)	部局 (Department) 大学院薬学系研究科 FAX (FAX no.)	職 (Job Title) 准教授 E-Mail
1. 種別 / Category	研究会 / NIBB workshops		
2. 課題番号 / Project number	25NIBB809		
3. 研究課題名 / Research Project Title	Basal metazoan workshop at NIBB 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		
4. 所内対応者 / Host Researcher	重信 秀治		
5. 共同利用研究者(敬称略)	・ 重信秀治：基礎生物学研究所 超階層センター 教授 ・ 山口勝司：基礎生物学研究所 トランスオミクス解析室 主任技術員 ・ 出口竜作：宮城教育大学大学院教育学研究科高度教職実践専攻 教授 ・ 菅裕：県立広島大学生物資源科学部生命環境学科生命科学コース 教授 ・ 谷本拓：東北大学大学院生命科学研究科 教授 ・ 熊野岳：東北大学大学院生命科学研究科 教授 ・ 牧野能士：東北大学大学院生命科学研究科 教授 ・ 竹田典代：広島大学大学院統合生命科学研究科 研究員 ・ 丸山真一郎：東京大学大学院新領域創成科学研究科 准教授 ・ Vladimiro THOMA 東北大学大学院生命科学研究科助教 ・ 眞柴弦太 東北大学大学院生命科学研究科博士1年 ・ Liu, Mingxin 東北大学大学院生命科学研究科博士1年 ・ Huang Zhou 東北大学大学院生命科学研究科附属浅虫海洋生物教育研究センター博士1年 ・ 笹岡和夏 県立広島大学生物資源科学部 3年 ・ 菊池さくら 宮城教育大学教職大学院 修士課程2年 ・ 酒井実夢 宮城教育大学初等教育専攻 4年 ・ 金久礼武 東京大学大学院薬学系研究科修士課程1年		
6. 研究成果の概要及び今後の 展望 / Outline of research results and future prospects	新規モデル生物開発共同利用研究で提案している、刺胞動物のエダアシクラゲを用いた研究を中心とした最近の非左右相称性動物モデルの研究展開について現状を共有し、研究コミュニティとして必要な基盤や支援について確認し合うことを目的とした。オンサイトでNIBB所属の参加希望者には公開にしたことで、研究内容について広く興味を持ってもらい、将来的に新しい研究者や学生の参入の参考になることを意図した。また、若い学生や研究員にもPIと一緒に発表してもらうことでメンバー間のさらなる交流を図った。 メインの話題として、エダアシクラゲを使った形態形成や再生、生理、行動についての研究アップデートを聞いて内容について相互に議論することができた。また、単細胞ホロゾアや他の共生刺胞動物の話題、クシクラゲの話題（NIBBの城倉博士）などもあり、見識を広げるのに役立った。情報交換会においても研究内容や方向性について広く話し合うことができた。		

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-04-30
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 林 利憲 所属機関 (Institute) 広島大学 電話 (Phone no.)	部局 (Department) 両生類研究センター FAX (FAX no.)	職 (Job Title) 教授 E-Mail
--	---	---	-------------------------------

1. 種別 / Category	研究会 / NIBB workshops
2. 課題番号 / Project number	25NIBB810
3. 研究課題名 / Research Project Title	新規モデル両生類イベリアトゲイモリの巨大ゲノム解読プロジェクト成果報告会
4. 所内対応者 / Host Researcher	鈴木 賢一
5. 共同利用研究者(敬称略)	・ 林 利憲：広島大学両生類研究所 教授 / Toshinori HAYASHI: Hiroshima University, Amphibian Research Center, professor ・ 松波 雅俊：琉球大学大学院医学研究科 助教 / Masatishi MATSUNAMI: University of the Ryukyus, Graduate School of Medicine, assistant professor ・ 西出 浩世：基礎生物学研究所超階層生物学センター 技術係長 / Hiroyo NISHIDE: NIBB, Exploratory Research Center on Life and Living Systems, Senior Technical Staff ・ 奥村 晃成：基礎生物学研究所超階層生物学センター 特任研究員 / Akinori OKUMURA: NIBB, Exploratory Research Center on Life and Living Systems, project researcher ・ 福井 彰雅：中央大学理工学部 教授 / Akimasa FUKUI: Chuo University, Faculty of Science and Engineering, professor ・ 佐藤 勇輝：関西医科大学医学部 助教 / Yuki SATO: Kansai Medical University, Faculty of Medicine, assistant professor ・ 蓮沼 至：東邦大学理学部 准教授 / Itaru HASUNUMA: Toho University, Faculty of Science, associate professor ・ 中田 友明：日本獣医生命科学大学獣医学部 准教授 / Tomoaki NAKADA: Nippon Veterinary and Life Science University, Faculty of Veterinary Medicine, associate professor ・ 鈴木 賢一：基礎生物学研究所超階層生物学センター 准教授 / Akinori OKUMURA: NIBB, Exploratory Research Center on Life and Living Systems, associate professor ・ 保 和人：総合研究大学院大学□命科学研究科 大学院生 / Kazuto BOU: The Graduate University for Advanced Studies, SOKENDAI, School of Life Science, graduate student ・ 阿形 清和：基礎生物学研究所 前所長 教授 / Kiyokazu AKGATA: NIBB, Former Director-General ・ 木村 優希：東京工業大学大学生命理工学院 元大学院生 / Yuki KIMURA: Tokyo Institute of Technology, School of Life Science and Technology, Former Graduate Student ・ 重信 秀治：基礎生物学研究所超階層生物学センター 教授 / Akinori OKUMURA: NIBB, Exploratory Research Center on Life and Living Systems, professor ・ 二階堂 雅人：東京科学大学生命理工学院 教授 / Masato Nikaidoh: Institute of Science Tokyo, School of Life Science and Technology, professor
6. 研究成果の概要及び今後の展望 / Outline of research results and future prospects	1. 背景と目的 有尾両生類のイモリは、高い再生能力や癌抵抗性、ヒトの約10倍の巨大ゲノムなど、独自の生物学的特性を持つ。本研究課題では、飼育・繁殖が容易な「イベリアトゲイモリ」を標準系統として導入し、そのモデル生物化を推進してきた。特に過去4年間は、最新のHiFiシーケンス技術を導入し、長年困難とされてきた約20GBに及ぶ巨大ゲノムの解読に重点を置いて研究を進めてきた。本報告会は、これらのゲノム解読成果を共有し、ポストゲノム時代の研究展開を議論することを目的として開催された。 2. 実施内容と成果 2025年12月24日、基礎生物学研究所にて研究報告会を開催した（参加者約30名、発表12演題）。主な報告内容として、高精度ロングリードによるゲノムアセンブル（N50=113.5M）の達成、巨大ゲノムを構成する反復配列（トランスポゾン）の解析、およびゲノム情報をリファレンスとした高精度なトランスクリプトーム解析手法の確立が示された。また、進化生物学的な観点から、原腸胚期の遺伝子発現、ケラチンクラスターやホルモン系の進化、フェロモンを介した雌雄間コミュニケーションの分子基盤など、ゲノム解読によって初めて可能となった多角的な研究成果が発表された。 3. 総括と今後の展望 本プロジェクトにより、イベリアトゲイモリの国際標準系統としての基盤が整備された。全体討論では、整備されたゲノム情報を活用した機能ゲノミクスの加速や、ゲノム巨大化の謎に迫る今後の研究方針について活発な議論が行われた。今後はアノテーションの更なる最適化を進め、国内外の研究者が広く利用できるリサーチリソースとして完成度を高めていく計画である。

トレーニングコース

25NIBB901 イベリトゲイモリを用いた遺伝子発現イメージングの基礎技術トレーニング

林 利憲 広島大学両生類研究センター

提出日 / Date (Day/Month/Year)	2026-04-30
--------------------------------	------------

基礎生物学研究所長 殿 / To Director General of NIBB

下記のとおり実施しましたので報告します。 / The Collaborative Research Report is as follows:

記

報告者 / Representative (Principal Investigator)	氏名 (Name): 林 利憲 所属機関 (Institute) 広島大学 電話 (Phone no.)	部局 (Department) 両生類研究センター FAX (FAX no.)	職 (Job Title) 教授 E-Mail
1. 種別 / Category	トレーニングコース / Support for NIBB training courses		
2. 課題番号 / Project number	25NIBB901		
3. 研究課題名 / Research Project Title	イペリアトゲイモリを用いた遺伝子発現イメージングの基礎技術トレーニング		
4. 所内対応者 / Host Researcher	亀井 保博		
5. 共同利用研究者(敬称略)	・ 林 利憲：広島大学両生類研究センター 教授 / Toshinori Hayashi: Hiroshima University, Amphibian Research Center, professor ・ 亀井 保博：基礎生物学研究所超階層生物学センター 教授 / Yasuhiro KAMEI: National Institute for Basic Biology, Optics and Bioimaging Facility (Trans-Scale Biology Center), professor ・ 福井 彰雅：中央大学理工学部 教授 / Akimasa FUKUI: Chuo University, Faculty of Science and Engineering, professor ・ 佐藤 勇輝：関西医科大学医学部 助教 / Yuki SATO: Kansai Medical University, Faculty of Medicine, assistant professor ・ 阿形 清和：基礎生物学研究所 前所長 教授 / Kiyokazu AGATA: NIBB, Former Director-General ・ 松波 雅俊：琉球大学大学院医学研究科 助教 / Masatoshi MATSUNAMI: University of the Ryukyus, Graduate School of Medicine, assistant professor ・ 恒岡 洋右：東邦大学医学部 准教授 / Yousuke TSUNEOKA: Toho University, Faculty of Medicine, associate professor ・ 松原 遼：鳥取大学医学部 助教 / Haruka MATSUBARA: Tottori University, Faculty of Medicine, assistant professor ・ 宇野 好宣：徳島大学 大学院社会産業理工学研究部 准教授 / Yoshinobu UNO: Tokushima University, Faculty of Science and Technology, associate professor ・ 佐藤 伸：岡山大学異分野融合先端研究コア 教授 / Akira SATHO: Okayama University, Advanced Research Core for Interdisciplinary Sciences, professor ・ 戸澤 紗代：中央大学理工学部 助教 / Sayo TOZAWA: Chuo University, Faculty of Science and Engineering, assistant professor ・ 高木 千世：基礎生物学研究所 バイオイメージング解析室 技術職員 / Chiyo TAKAGI: National Institute for Basic Biology, Optics and Bioimaging Facility (Trans-Scale Biology Center), technical staff ・ 浅尾 桃子：基礎生物学研究所 バイオイメージング解析室 技術職員 / Momoko ASAO: National Institute for Basic Biology, Optics and Bioimaging Facility (Trans-Scale Biology Center), technical staff ・ 斎田 美佐子：基礎生物学研究所 バイオイメージング解析室 技術職員 / Misako SAIDA: National Institute for Basic Biology, Optics and Bioimaging Facility (Trans-Scale Biology Center), technical staff ・ 林 健太郎：基礎生物学研究所 バイオイメージング解析室 特任助教 / Kentaro HAYASHI: National Institute for Basic Biology, Optics and Bioimaging Facility (Trans-Scale Biology Center), assistant professor ・ 竹原 舞：広島大学大学院統合生命科学研究科 大学院生 / Mai TAKEHARA: Hiroshima University, Graduate School of Integrated Sciences for Life, graduate student ・ 榎本 英理子：広島大学大学院統合生命科学研究科 大学院生 / Eriko ENOMOTO: Hiroshima University, Graduate School of Integrated Sciences for Life, graduate student ・ 暮石 琴乃：広島大学大学院統合生命科学研究科 大学院生 / Kotonu KUREISHI: Hiroshima University, Graduate School of Integrated Sciences for Life, graduate student ・ 塚本 優太：広島大学大学院統合生命科学研究科 大学院生 / Yuta TSUKAMOTO: Hiroshima University, Graduate School of Integrated Sciences for Life, graduate student ・ 野口 大吾：広島大学理学部 学部生 / Daigo NOGUCHI: Hiroshima University, Faculty of Science, undergraduate student ・ 本橋 諒：広島大学理学部 学部生 / Ryo MOTOHASHI: Hiroshima University, Faculty of Science, undergraduate student		

6. 研究成果の概要及び今後の展望 / Outline of research results and future prospects

本研究では、イペリアトゲイモリをモデルとして、遺伝子発現解析技術であるHCR法の普及と技術習得を目的に、トレーニングコースを実施した。本コースには16名が参加し、学部学生から教授・主任研究員まで幅広い層が含まれていた。発生生物学や再生生物学、神経科学など多様な分野の研究者が集まり、使用生物も哺乳類から魚類、両生類まで多岐にわたることから、本技術の汎用性の高さが示された。

本コースでは、16名の参加者と11名の講師がワークショップ形式で相互に議論しながら進める体制を採用した。その結果、アンケートにおいて全回答者が「理解が深まった」と回答しており、極めて高い教育効果が確認された。また、学生から研究室主宰者まで幅広い参加者が集まったことで、情報交換会を通じた異分野研究者間の交流が促進され、共同研究につながる可能性が示唆されるなど、コミュニティ形成の観点でも重要な成果が得られた。

さらに、アンケート結果から、参加者の約9割が近い将来に自施設での導入を予定していることが明らかとなり、本講習会が実用性の高い技術普及に寄与したといえる。今後は、本取り組みを継続的に実施するとともに内容の高度化を図ることで、さらなる研究展開への貢献が期待される。