

## 特色ある共同利用・共同研究拠点 期末評価結果

大学名	東京農業大学	研究分野	生物資源ゲノム解析
拠点名	生物資源ゲノム解析拠点		
学長名	高野 克己		
拠点代表者	矢嶋 俊介		

### 1. 拠点の概要 ※期末評価報告書より転記

#### [拠点の目的]

革新的なゲノム解析装置（次世代シーケンサー）の登場により、短時間で膨大なゲノム解析が可能になった。この超ハイスループット技術により、個体差の全ゲノムスケールでの比較や、特定環境中に存在する全遺伝子の解析（メタゲノム解析）等が可能になり、基礎から応用までパラダイム転換が起こりつつある。この新規基盤技術は、動植物、微生物などすべての生物を研究対象とする農学分野においても、ゲノム情報の解析、生物機能の解析から新機能を有する生物の育種に至るまで、研究の新展開に大きく貢献する。そこで本拠点では、次世代シーケンサーを用いて、生物資源ゲノム解析、遺伝子発現解析を行い、生物機能解析への貢献、農業分野における分子育種研究への取り組みを支援・共同研究することを目的とする。

申請拠点は、センター内に設置する運営委員会での議論と企画に沿って、国内の研究者から遺伝子解析を主とする研究テーマを募集し、期待される成果、緊急性などをもとに課題を選択、共同研究を推進する。申請施設が保有する 2 台の次世代シーケンサー（イルミナ社 HiSeq2500, Genome analyzer IIx）を用いて、いままでに蓄積した解析技術におけるノウハウを提供する。

また、拠点の目指す役割として、共同研究における次世代シーケンサー技術の適切な利用法、応用の助言とともに、同装置を用いたゲノム de novo シーケンス、リシーケンス、RNA-seq、ChIP 解析など、網羅的な遺伝子関連解析を行い、共同研究を推進する。これにより主として農学分野における研究の推進と新たな研究領域の開拓に貢献する。

この技術は生物を分子レベルで解析する研究には欠かせないものとなりつつあり、国内における同装置の使用を希望する研究者は多い。一方、既存の遺伝子研究関連共同利用・共同研究拠点である筑波大学遺伝子実験センターや岡山大学資源生物科学研究所は、どちらも植物遺伝子の機能解析を研究分野としている。また、ゲノム解析の共同研究が可能な研究施設としては国立遺伝学研究所、理化学研究所が挙げられるが、需要を満たすに至っていない。さらに、テーラーメイド医療につながる個人個人のゲノム解析が一般的となりつつある医学分野での利用率が高まっている状況に比べ、モデル生物のほか多種多様な非モデル生物を扱うことから次世代シーケンサーの利用が欠かせない農学分野では、専門の利用施設が存在していない。そのため、特に農学分野における次世代シーケンサーを用いた生物資源の遺伝子解析を行える共同研究拠点が求められている。

本学は国内唯一の農業大学として榎本武揚が設立し120余年にわたる歴史を持つ。その建学の精神は初代学長横井時敬の言葉にある「人物を畑に返す」である。現在では、生物の総合大学として基礎から応用まで広い範囲の農学分野の教育研究を行っている。その中で、生物の基本であるゲノム解析について先端技術を利用し網羅的に解析を行ってきた実績を持つ。今回の拠点申請により、農業大学として関連研究分野の研究者コミュニティとともに研究者の研究推進に貢献することを目指している。

#### [拠点における成果及び目的の達成状況]

生物ゲノム解析拠点では、近年その基盤技術としての利用がめざましい、次世代シーケンサー（高速 DNA シーケンサー）を利用し、農学関連分野を中心とした共同研究推進を目指してきた。この新技術は、特に、人という単一生物を対象とした医学、医療分野での利用が急速に高まって

いる一方で、幅広い生物を研究対象とする農学分野での利用は進んでいなかった。しかしながら、この技術は遺伝情報解析が進んでいない様々な生物（非モデル生物）を研究対象とする農学分野において非常に強力なツールである。そのため、共同研究を遂行することにより、農学分野における研究の発展を図ることを目指してきた。その実績として、平成 25 年度の拠点認定以降、平成 25 年度 40 件、平成 26 年度 64 件、平成 27 年度 51 件、平成 28 年度 41 件、平成 29 年度 27 件、平成 30 年度 6 件の課題を採択、共同研究を行っている。課題名、概要、採択課題代表者については各別紙に記載の通りであるが、北海道から沖縄に至るまで地域的に日本全国にわたっている。また、共同研究機関も国公立大学、独立行政法人（国立研究開発法人）、民間機関と幅広く採択を行った。研究内容では、モデル生物を用いた生物機能解析の研究や、分子育種への応用を目指した非モデル生物の遺伝情報解析といった課題が多く対象となった。これらのことは、本拠点が認定を受けた際の留意事項に記された、幅広く研究者の利用に供すること、農学分野に貢献すること、の 2 点に留意し事業を行ってきた成果であると考えている。その点から、共同研究拠点の当初の目的を基本的に達成していると考えられる。技術的には DNA, RNA を試料とし、リシーケンスによる変異体解析、RNA-seq によるトランスクリプトーム解析、ChIP-seq による転写因子解析、RAD-seq によるゲノム構造解析や PBAT によるメチローム解析、細菌の de novo ゲノムシーケンスやメタゲノム解析など各種のサンプル、解析手法を用いてきている。これらは、随時新しい技術を取り込むことで、共同研究の遂行に貢献することを目指してきた。一方で、応用で注目されている分子育種研究などの取組は、本技術の利用だけでは成り立たないこと、また生物の育成が必要であることから、研究の成果が得られるためには時間がかかる。そのため、まだ採択された課題の成果を十分得るに至っていないケースもあり、今後も成果が発表されていくことが期待される。

本拠点申請時に、日本育種学会、日本農芸化学会、日本繁殖生物学会、日本畜産学会、日本ゲノム微生物学会、名古屋大学鳥類バイオサイエンス研究センターより認定への要望書を頂いた。6 年間の拠点事業において、これらの学会所属の研究者から申請を受け、審査による採択を経て、共同研究が行われている。さらに、日本遺伝学会、日本植物生理学会、日本進化学会、日本水産学会、日本繁殖生物学会、日本応用動物昆虫学会、日本土壌肥料学会、日本植物病理学会、日本動物学会、日本生化学会、日本分子生物学会、日本生物物理学会、日本発生生物学会、日本生態学会、日本雑草学会など、関連分野の学会に所属する研究者からの申請、共同研究を行ってきた。このことは、農学および関連研究領域の研究者コミュニティにおいて、本拠点が大きな貢献をしていることを示すと考えている。加えて 6 年間の事業推進において、初めて次世代シーケンサーを利用する機会を得た研究者は非常に多い。このこともまた、この拠点が、農学分野におけるこの技術の普及に大きな貢献を行えていることを示していると考えられる。毎回公募において多くの課題申請が行われること自体も、関連研究者コミュニティにおいて、この技術の利用の必要性、重要性を表していると考えられる。また、技術セミナーを開催することにより、研究者コミュニティに対し、最新情報の提供などを行う機会を設けた。

次世代シーケンサーを効率良く運用し、必要な成果を得るためには、3 つのハードルを越える必要がある。それは、専用の試薬の購入、データ解析のための大型計算機購入にかかる費用、データ解析のためのインフォマティクス技術である。次世代シーケンサーの技術について理解があり、利用を望む研究者にとっても、このようなハードルのために、その利用はなかなか現実とならなかった。そこで、本センターが共同研究拠点として、利用機会の提供を目指してきたが、本拠点事業を推進するにあたっては、当初スタートアップ支援も受け、これら 3 つのハードルを越える大きな一助となり、次の 3 年間の運用がスムーズに行えた。具体的には、第一に高速計算機サーバーの導入が上げられる。次世代シーケンサーの利用は、非常に大量のデータ生成を伴うため、通常のパーソナルコンピューターのみでは処理を行うことができない。一方で、本学には研究用に設置された大型計算機がないため、支援事業によるサーバーの導入で、基盤整備を大きく進めることが可能となった。さらに、年次を追って研究課題の増加にともないサーバーの負荷が増大する懸念があったが、複数年にわたる支援事業により設備増強も行うことができたため、支障を来すことなく共同研究の遂行に努めることが可能であった。また、専用の消耗品試薬の購入にあたっては、その負担を軽減し積極的な利用を推進することが可能となった。さらに、データの解析にはインフォマティクスの専門的な技術が必要であるが、同様に支援事業により、この分野の技術支援を盛り込むことが可能となり、共同研究を大きく進め、目的の達成に至ることができたと考えている。

本学は「人物を畑に還す」を建学の精神とし、農学分野の単科大学として127年の歴史をもつ。農学という学問分野は生産科学をもとに発展し、それらの分野に多くの卒業生を送り出してきた。一方で、近年の生命科学分野の進歩は、農学分野を生産科学から広く生物を扱う分野として基礎から応用まで幅広い学問分野としての展開が進んでいる。そのような状況の中、本拠点は、次世代シーケンサーという新技術を農学の分野に広めることに大きく貢献し、そのような技術、知識を有した人材を、本学のみならず拠点事業に参加した研究グループにおいても社会に輩出することができると考えている。

東日本大震災に関連したテーマとして、東北沿岸の海底の植物プランクトン叢の解析を共同研究として行った。

## 2. 評価結果

### (評価区分)

S : 拠点としての活動が活発に行われており、関連コミュニティへの貢献も多大であると判断される。

### (評価コメント)

当該拠点は、次世代シーケンサーを用いて、生物資源ゲノム解析や遺伝子発現解析を行い、生物機能解析や農業分野における分子育種研究の支援等を目的として、拠点活動を活発に行っており、開かれた運営と充実した支援事業により、関連コミュニティに大きく貢献している。

特に、公募型共同研究には、全国から若手研究者を含む多数の者から応募があり、実施件数も多く、その成果論文には、インパクトファクターの高い国際学術誌に掲載されているものもある。また、国立遺伝学研究所との包括協定の締結等により、研究支援機能の強化や異分野融合による新たな研究への発展も目指している。

今後、次世代シーケンサーに係る技術が進展・波及する中、当該拠点の強みに留意しつつ、拠点活動の一層の充実に取り組むことが期待される。