研究領域「環境とバイオテクノロジー」事後評価（課題評価）結果

1. 研究領域の概要

世界的に共通した環境問題や社会課題の克服が求められており、バイオテクノロジーはそれらの解決において重要な基盤の一つである。しかし、それらの難題を解決していくためには、独創的なアイデアによりバイオテクノロジー分野における飛躍的な科学・技術革新を巻き起こし、異分野との融合によりイノベーションを創出するとともに、次代を担う若手人材の支援と将来のリーダーの輩出が必要である。

本研究領域では、バイオテクノロジー分野において新分野開拓や新価値創造につながる基礎研究を推進し、将来、真に環境問題に貢献できる技術と人材の創出を目指している。例えば、複合微生物・生物間相互作用・共生、環境生態モニタリング、あるいは、生物機能を利用した環境浄化・制御や再生可能な生物資源及びそれらの廃棄物を利活用したマテリアルやスマート物質生産などの幅広い分野において、新たな発想に基づいた先駆的なテーマを支援する。さらには、新たな生物機能の発見・創出・利用・評価解析手法の開発なども含め、環境への貢献につながる挑戦的な研究構想を幅広く求める。

研究推進においては、研究者同士の交流を促進し、バイオテクノロジーを共通言語とする多様な若手研究者によるヒューマンネットワークの構築を進め、横断的なグループ研究などへの展開を図っている。そして、若手研究者が切磋琢磨する中でそれぞれの研究を探求しながら、将来に渡ってさらに広く大きく研究フレームを展開するための支援を行うことで、環境問題に貢献できる先進的な研究をリードする人材の育成を目指している。

2. 事後評価の概要

2-1. 評価の目的、方法、評価項目及び基準

「戦略的創造研究推進事業（先端的低炭素化技術開発及び先端的カーボンニュートラル技術開発（ALCA-Next）を除く。）の実施に関する規則」における「第4章 事業の評価」の規定内容に沿って実施した。

2-2. 評価対象個人研究者及び研究課題

2022年度採択研究課題

- (1) 百武 真奈美（東京工業大学物質理工学院 特任助教）
環境調和型材料の低コスト生産を目指した末端構造設計

2021年度採択研究課題

- (1) 秋山 遼太（神戸大学大学院農学研究科 学術研究員）
シストセンチュウ孵化促進物質生合成の解明と新奇防除法への応用
- (2) 東 直輝（名古屋大学大学院工学研究科 助教）
プラズマモニクナノ流路を用いたDNA 1 分子高速解析
- (3) 岩間 亮（東京大学大学院農学生命科学研究科 助教）
生体膜組成を介した細胞外脂肪族化合物の機能
- (4) 加藤 遼（徳島大学ポストLEDフォトンクス研究所 特任助教）
生体分子機能の理解に資するハイブリッドナノ振動分光法の創出

- (5) 小祝 敬一郎 (東京海洋大学学術研究院 助教)
エビ体液免疫細胞と細菌叢の相互作用解析と養殖産業への活用
- (6) 越水 静 (情報・システム研究機構国立遺伝学研究所 助教)
花の構造色を呈する微細構造 -フォトンクス農業実現のための基盤構築-
- (7) 坂本 勇貴 (大阪大学大学院理学研究科 助教)
オルガネラ間接着から紐解く新たな環境応答機構
- (8) 清家 泰介 (大阪大学大学院情報科学研究科 助教)
昆虫等から単離された野生酵母の評価と有用酵母の構築
- (9) 高木 大輔 (摂南大学農学部 特任助教)
植物におけるフィチン酸依存的なmRNA核外輸送活性制御機構の解明
- (10) 高田 啓 (京都産業大学生命科学部 研究員)
温故知新、翻訳装置に内在する微生物環境応答機構の理解
- (11) 高橋 迪子 (高知大学医学部 特任助教)
環境中の損傷ウイルスサルベージ技術の開発
- (12) 竹内 純 (静岡大学農学部 准教授)
高温ストレスによる発芽阻害メカニズムの解明
- (13) 竹下 和貴 (秋田県立大学生物資源科学部 助教)
細菌の宿主体内適応に関わる分子基盤の解明
- (14) 中西 貴士 (ノボザイムズジャパン (株) 研究開発部門 Department Manager)
人工進化実験による産業用酵素生産Bacillus株の耐酸性化
- (15) 中山 友哉 (名古屋大学高等研究院 特任助教)
柔軟性と頑健性を備えた季節温度適応能の分子基盤の解明
- (16) 西田 暁史 (東京農業大学生命科学部 助教)
転移学習を用いた非モデル生物の無細胞タンパク質合成系開発
- (17) 西村 陽介 (海洋研究開発機構海洋機能利用部門 特任研究員)
メタゲノムビッグデータを活用した微生物の環境適応因子の解明
- (18) 野崎 翔平 (筑波大学生命環境系 助教)
次なる「緑の革命」植物の創出を目指した転写中核因子の研究
- (19) 和氣 駿之 (東北大学大学院工学研究科 助教)
フラボノイド生合成の細胞内動態を探る

(加速フェーズ課題)

2020年度採択研究課題

- (1) 縣 歩美 (名古屋大学大学院生命農学研究科 助教)
野生イネが持つ花序形態環境可塑性の解明
- (2) 岡橋 伸幸 (大阪大学大学院情報科学研究科 准教授)
微生物の新規代謝物-酵素遺伝子の統合オミクス推定法の開発
- (3) 熊倉 直祐 (理化学研究所環境資源科学研究センター 研究員)
遺伝子多重破壊法を用いた感染メカニズムの網羅的解明
- (4) 高木 俊幸 (東京大学大気海洋研究所 助教)
エコプロバイオティクスによる環境適応型サンゴの創出
- (5) 竹島 亮馬 (農業・食品産業技術総合研究機構作物研究部門 研究員)
植物の近交弱勢における遺伝機構の解明
- (6) 西岡 友樹 (産業技術総合研究所生物プロセス研究部門 産総研特別研究員)
環境調和型病害防除法を実現する微生物叢人工制御基礎研究
- (7) 西川 洋平 (産業技術総合研究所産総研・早大 生体システムビッグデータ解析
オープンイノベーションラボラトリ 研究員)
シングルゲノム情報を用いた水圏ファージ-宿主間の相互作用解析
- (8) 宮澤 佳甫 (金沢大学理工研究域 助教)
生物の表面と内部を可視化する超解像液中AFM
- (9) 三好 悠太 (量子科学技術研究開発機構量子技術基盤研究部門 主任研究員)
炭素栄養の転流の自由自在な制御に向けた研究
- (10) 吉村 柁彦 (京都大学高等研究院 特定助教)
タンパク質多量化技術による生合成制御

2-3. 事後評価の実施時期

- ・2023年10月～2024年2月 各研究者からの研究報告書に基づき査読評価
- ・2024年1月30日(火) 事後評価会議実施

※早期終了課題は査読評価のみ

2-4. 評価者

研究総括

野村 暢彦 筑波大学生命環境系 教授／微生物サステイナビリティ研究センター
センター長

領域アドバイザー

植田 美那子 東北大学大学院生命科学研究科 教授
大西 康夫 東京大学大学院農学生命科学研究科 教授
小笠原 渉 長岡技術科学大学技術科学イノベーション専攻 教授
岡本 章玄 物質・材料研究機構高分子・バイオ材料研究センター グループリー
ダー
小川 順 京都大学大学院農学研究科 教授
黒田 章夫 広島大学大学院統合生命科学研究科 教授
小杉 昭彦 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
清水 浩 大阪大学大学院情報科学研究科 教授
白須 賢 理化学研究所環境資源科学研究センター 副センター長・グループデ
ィレクター
玉木 秀幸 産業技術総合研究所生物プロセス研究部門 副部門長・研究グループ
長
野尻 秀昭 東京大学大学院農学生命科学研究科 教授
蓮沼 誠久 神戸大学先端バイオ工学研究センター 教授・センター長
松井 知子 ノボザイムズジャパン株式会社研究開発部門 代表
八代田 陽子 理化学研究所環境資源科学研究センター 副チームリーダー
吉野 知子 東京農工大学大学院工学研究院 教授

外部評価者

該当なし

3. 総括総評

本研究領域では、バイオテクノロジー分野において新分野開拓や新価値創造につながる基礎研究を推進し、将来、真に環境問題に貢献できる技術と人材の創出を目指して領域を運営している。独創的なアイデアによりバイオテクノロジー分野における飛躍的な科学・技術革新を巻き起こし、異分野との融合によりイノベーションの創出に資する研究を推進している。また、次代を担う多様な人材を育成するとともに、研究者としての個の確立を支援している。

2023年度は、第2期生研究者19課題、1期生のうち加速フェーズへの移行課題10課題、及び3期生研究者のうち早期終了となった1課題、計30課題の事後評価を実施した。それぞれが挑戦的課題へ取り組み、想定したように進まなかった課題においても興味深い結果を掴み、今後の中長期の研究の基盤を築くなど、限られた期間の中で可能な限り十分な成果を挙げたものと評価している。これらの研究活動は論文掲載等の成果に反映されているものも多く、プレス発表に至った論文も多かった。2022年度10月の3期生採択を以て領域に所属する研究者の人数が最多となり、研究者間での議論がさらに活性化された結果が、本領域4年目に入り成果として顕れてきたように思う。今年度は合宿形式での領域会議が2回開催され、過年度と比較して徹底した議論を行うことができた。また、グループ別でのサイトビジット実施により、個別でのサイトビジットと比較して研究者同士の対面によるコミュニケーションを十分に取ることができた。さらに、研究者を運営の主体としたセミナーも20件程度開催され（このうち2件は関連学会内での公開シンポジウム）、異分野横断のネットワーク形成に対する研究者の自主性が増進された。その結果、領域全体として採択年度（期）を跨いだ共同研究が飛躍的に推進するフェーズへ移行したように思われる。この中で共著論文の出版やプレス発表に至った共同研究も複数あり、着実に成果へと繋がっている。来年度以降も、このような取り組みを継続しつつ、異分野横断研究のフェーズをさらに上の段階へ引き上げることができるよう支援する。今年度の卒業生にも、引き続き領域の活動に参加し、これまでに構築したネットワークを駆使して研究活動に邁進することを期待している。

ACT-Xは学位取得前～直後の若手研究者を対象とした研究助成制度である。そのため、採択研究者の多くは有期雇用により次のポストを探す必要があり、ライフイベントによる休業、子育ての時間の確保など、研究との両立の難しさもある。このような状況下においても、前年度に引き続き、ACT-Xでの成果や、ここで確立された研究者としての個性を發揮し、次のポストへチャレンジし、採用される研究者も多数出ている。子育て等ライフイベント中の研究者がJSTの支援制度を活用し、研究との両立を図りつつ非常に精力的に活動しているのを非常に頼もしく思っている。

本事後評価対象の2期生研究者23名のうち、10名が1年間の加速フェーズ研究を実施することになった。これまでの成果をベースに自身の研究課題をさらに加速させることを期待している。また、本年度の卒業生も、ACT-Xで掴んだ成果や人脈を活かして、それぞれに大きく発展することを期待する。なお、来年度以降も、さきがけや創発的研究支援事業への応募を促進する。次のステップで、ACT-Xでの経験を踏まえてさらに大きく飛躍してくれることを期待している。最後に、繰り返しになるが、当領域では多くの研究者がライフイベント支援制度を活用させていただいている。また、学会発表や論文発表の終了者支援制度も他に類を見ない制度であり非常に感謝している。JSTには今後も先進的な支援制度の運用をお願いしたい。

研究課題別事後評価結果

1. 研究課題名： 環境調和型材料の低コスト生産を目指した末端構造設計
2. 個人研究者名
百武 真奈美（東京工業大学物質理工学院 特任助教）
3. 事後評価結果

本 ACT-X 研究では、微生物が産生するポリヒドロキシアルカン酸(PHA)の末端に芳香族を付加した低分子 PHA の作製基盤構築のため、芳香族としてまずフェノール基を付加できる重合酵素の創製を目的とした。その結果、バチルス属細菌由来 PhaRC の様々な変異体から、フェノール基を末端に付加する改変型 PhaRC の取得に成功した。さらに、フェノール基が付加された低分子量体が細胞外に産生されていることも確認し、変異酵素についてもアルコリススに関与するアミノ酸部位の特定までの知見を得た。PHA の末端に芳香族を付加する酵素の改変、そして細胞外産生を確認出来たことは大きな成果である。本成果である、芳香族付加した高付加価値 PHA の微生物を利用した生産系の基盤構築は、バイオものづくりに貢献することが期待できる。

研究課題別事後評価結果

1. 研究課題名： シストセンチュウ孵化促進物質生合成の解明と新奇防除法への応用

2. 個人研究者名

秋山 遼太（神戸大学大学院農学研究科 学術研究員）

3. 事後評価結果

本 ACT-X 研究では、シストセンチュウの新規孵化促進物質 (HF) であるソラノエクレピン B (SEB) の構造決定を行い、トマト毛状根を用いて HF 生合成関連遺伝子 5 つを新たに明らかにした。さらに、SEB が土壤微生物によりソラノエクレピン A (SEA) に変換されることを明らかにすることができた。また、前駆物質の減少を促す植物ホルモン処理方法を発見するなど、独自性の高い研究アプローチを構築できている。シストセンチュウの病害を軽減するためにシストを生成するメカニズム、抑制する手法を開発することは未来の食糧問題にもかかわる重要なテーマであり、インパクトの大きい成果と言える。

孵化促進物質の生成に関わる知見を着実に集積し、この分野を切り拓いている様子は見事である。土壌での分子変換反応や窒素欠乏条件での生合成遺伝子発現誘導を捉えたことで次のステージの研究につながる成果を導出できしており、加速フェーズにおいても大きな進展が期待される。植物の窒素代謝と微生物の関係性など、生物間相互作用の解明にも展開し、当該分野をリードしていかれることを期待する。

研究課題別事後評価結果

1. 研究課題名： プラズモニクナノ流路を用いた DNA 1 分子高速解析
2. 個人研究者名
東 直輝 (名古屋大学大学院工学研究科 助教)
3. 事後評価結果

本 ACT-X 研究では、1 分子レベルでの DNA 伸長と長さ測定を目指した挑戦的な研究提案であり、その実現に向けて、微細加工技術を駆使した精密デバイス設計と実証試験が試みられた。デバイス上にナノサイズの流路を構築し、DNA をナノ流路内に閉じ込めることで 1 分子の DNA 伸長を可能にただけでなく、蛍光増強を実現し、1 分子レベルでの蛍光観察に成功している。最終的なデバイスの開発に至るまでに多くの課題が生じていたが、機械分野を専門とする研究者が果敢にバイオ分析に挑戦して成し得た成果であり、高く評価できる。また、本技術を用いて、タンパク質が結合した DNA 観察に成功し、DNA 上のタンパク質結合位置を 1 分子レベルで特定出来ることも実証した。本成果に基づいた研究提案は、2022 年度に創発的研究支援事業の採択に至っており、評価に値する。

今後は、本技術の強みを活かした応用展開にも期待している。例えば、1 細胞由来のゲノムやプラスミドの分画・分析への応用や、1 分子レベルでの DNA とタンパク質間相互作用のリアルタイム解析など、数多くの成果創出が期待できる。また、本研究者は、当 ACT-X 領域内での異分野融合を積極的に推進した一人であり、多くの研究会を企画し、研究者間のネットワーク形成、ひいては本領域全体の発展にも多大なる貢献を行った。今後は、こうしたネットワークを通して新規学術領域を創出する若手研究者として飛躍することを大いに期待している。

研究課題別事後評価結果

1. 研究課題名： 生体膜組成を介した細胞外脂肪族化合物の機能

2. 個人研究者名

岩間 亮（東京大学大学院農学生命科学研究科 助教）

3. 事後評価結果

糸状菌研究において、細胞内脂質に関する研究は多くない。本 ACT-X 研究では、脂質合成、局在解明をリアルタイムに明らかにしようと精力的に研究を推進した。これまでの研究から、培養条件、経時変化による脂質組成の違いを明確にし、さらに、脂質組成をリアルタイムに解析する技術基盤も構築しつつある。糸状菌は麹菌など有用な微生物にも関わらず、酵母に比べ、このような基礎研究がこれまで進んでいなかった。これは、糸状菌が多細胞生物であることが、大きな理由である。本研究において、極めて大変な作業（経時的なサンプリング、解析など）を果敢に進め、真核生物における生体膜の新たな機能を世界に先駆けて見出し、論文発表、プレスリリースなど着実に成果に結びつけている点も高く評価できる。

また、領域内では他のメンバーと有機的に連携し、グループミーティングを数多く実施し、また外向けには学会共催シンポジウムを企画するなど、当領域内外のネットワーク構築にも大きく貢献した。今後は ACT-X での成果を踏まえ、人的ネットワークを活かし、学術的に意義の高い成果を目指すと共に、将来のモノ作りにつながることも期待している。

研究課題別事後評価結果

1. 研究課題名： 生体分子機能の理解に資するハイブリッドナノ振動分光法の創出
2. 個人研究者名
加藤 遼（徳島大学ポストLEDフォトンクス研究所 特任助教）
3. 事後評価結果

本ACT-X研究では、独自技術の開発により、顕微鏡の光学素子や制御系の改良を含むハイインパクトな研究成果を達成した。特に、ナノラマンイメージングの領域における成果は、その技術力の高さを示している。加えて、平行して開発された超解像顕微赤外分光イメージング技術により、自家蛍光を持つ藍藻から生産される硫化多糖を非標識でイメージングすることにも成功した。当初予想していた以上の成果を挙げたと言える。研究体制の面では、バイオ分野の研究者との融合研究が光る成果を挙げており、対象の深い理解と必要なスペックへの洞察に基づく技術開発が行われている。社会への波及効果として、これらの技術開発はバイオ分野だけに留まらず、広範な科学研究に対しても貢献するポテンシャルを秘めている。特に、単一細胞解析などの新たな手法の開発は、生物学的な課題への新しいアプローチを可能にすることが期待される。

加速フェーズ研究においても、ACT-Xでのさらなる交流と共同研究、及び生物学的な課題への直接的な取り組みを通じて、素晴らしい科学的発見へ繋げることを期待している。

研究課題別事後評価結果

1. 研究課題名： エビ体液中免疫細胞と細菌叢の相互作用解析と養殖産業への活用

2. 個人研究者名

小祝 敬一郎（東京海洋大学学術研究院 助教）

3. 事後評価結果

本 ACT-X 研究では、独自技術を活用し、クルマエビ体液中の免疫細胞と細菌叢の相互作用の解明というチャレンジングな課題に精力的に取り組んだ。まず自身の強みであるシングルセル解析技術を最大限活用し、ウイルス感染時におけるクルマエビの免疫応答を精緻に明らかにするなど重要な成果を挙げており、高く評価できる。特に、本成果は国際学術誌へ論文発表するとともに、プレスリリースにも至っており、それが契機となり企業連携の取り組みに繋がっている点も高く評価できる。またエビ免疫細胞との相互作用の解明までには至らなかったものの、クルマエビ体液中に存在する微生物叢解析に至っている点は評価でき、今後の研究基盤は確立されつつあると判断できる。さらに、クルマエビ以外のエビの免疫細胞特性の解析も自身の一細胞解析技術をベースに着実に進められており、今後取り組む予定である、クルマエビ類の種を超えた免疫担当細胞データの統合解析は独自性が高いと判断できる。また病原菌の抑制微生物のスクリーニングについても、自身の強みであるデバイス技術をベースに、必要となる要素技術(宿主細菌の構築など)の開発も着実に進められている。今後得られる予定の拮抗細菌によるクルマエビの評価基盤構築は、応用面での意義も高く、その成果が大いに期待される。

本 ACT-X での活動を通じて、自身の独自技術を基盤として、領域内の他の研究者らとも有機的な連携を構築し、実際いくつもの共同研究に発展させている点も高く評価できる。培った研究者ネットワークを今後の研究活動にぜひ活かしていただきたい。

研究課題別事後評価結果

1. 研究課題名： 花の構造色を呈する微細構造 -フォトンクス農業実現のための基盤構築-

2. 個人研究者名

越水 静 (情報・システム研究機構国立遺伝学研究所 助教)

3. 事後評価結果

本 ACT-X 研究における独創的な成果は、ギンセンカの実験系の独自構築から始まり、RNA-seq を用いたクチン合成系の遺伝子の発見に至った点である。この取り組みは、生物学研究における新たな地平を開くものであり、その技術的な独創性と科学的な貢献は非常に高い評価に値する。さらに、ハイスループットな構造色識別の方法論の確立は、この分野における重要な進歩であり、これらの成果が着実に論文化されたことは特筆すべき成果と言える。加えて、共同研究においても、分野外の研究者と適切に連携を取り、新しい計測技術を研究目的にマッチさせることで、研究の幅を広げている。例えば、領域内共同研究による弾性率の測定と言った展開は、重要な成果であると言える。研究の多様性とその応用の可能性を広げることに貢献しており、加速フェーズでのさらなる発展が大いに期待される。

研究課題別事後評価結果

1. 研究課題名： オルガネラ間接着から紐解く新たな環境応答機構

2. 個人研究者名

坂本 勇貴（大阪大学大学院理学研究科 助教）

3. 事後評価結果

本 ACT-X 研究は、植物における核と葉緑体間の連結を担うアンカータンパク質の同定及びその機能解析を通じて、核と葉緑体の接着の生物学的重要性を探究する革新的な取り組みである。ベンサミアナタバコの一時的発現系を活用して、Split-BioID のシステムを開発し、核と葉緑体の接着部位に集中しているタンパク質群を特定した。これらの候補タンパク質に蛍光タンパク質を結合させ、細胞内での局在パターンを詳細に観察した。また、これらのタンパク質を過剰発現させることで、核と葉緑体の結合頻度が増加する複数のタンパク質を同定するなど、独自の方法論を構築し、大きな成果を収めた。本年度、日本植物学会奨励賞を受賞しており今後が大いに期待される。

加速フェーズにおいても、これらのタンパク質の機能や核と葉緑体の結合の意義の理解につながる成果を挙げ、この分野の研究における大きな進展に貢献することを期待している。

研究課題別事後評価結果

1. 研究課題名： 昆虫等から単離された野生酵母の評価と有用酵母の構築
2. 個人研究者名
清家 泰介（大阪大学大学院情報科学研究科 助教）
3. 事後評価結果

本 ACT-X 研究は、自然界からショウジョウバエを介した酵母ライブラリーを取得するユニークな研究である。日本の各地から集められた酵母から産業に重要な能力（表現型）を見出すためのハイスループットな解析方法を確立した。その結果、これまでにコレクションされていなかった酵母とその表現型情報の揃ったライブラリーを構築するに至った。炭素源資化能やストレス耐性能試験、メタボローム解析などから多くの表現型データを収集しており、今後、これらのライブラリー、情報が、バイオモノ作りに展開され、日本の産業にとって重要になるものと考え。また、本研究者は、基礎生物学的研究として非常に興味深い現象をいくつも発見しており、学術面においても今後の研究の発展が大いに期待される。

研究課題別事後評価結果

1. 研究課題名： 植物におけるフィチン酸依存的な mRNA 核外輸送活性制御機構の解明
2. 個人研究者名
高木 大輔（摂南大学農学部 特任助教）
3. 事後評価結果

本 ACT-X 研究では、植物のリン酸獲得に伴って増加するフィチン酸の細胞内蓄積と mRNA の量的な変化の相関を明らかにすることを目的とし、mRNA のポリ A テールを蛍光標識する *in situ* ハイブリダイゼーションを用いてイネの生葉の細胞における mRNA の局在箇所を明らかにし、フィチン酸の蓄積に伴って mRNA が核内にとどまり、核外への輸送が抑制されることが見出された。さらに、細胞質と核におけるプローブの蛍光強度データから mRNA の核外移行を量的に示す方法を考案し、画像による観察だけでない量的相関関係を示しており、独自性に優れた研究成果として評価できる。また、葉における mRNA 核外移行抑制メカニズムに迫るためにフィチン酸蓄積条件下で生育されたイネ生葉由来およびイネ培養細胞由来の mRNA を RNA-seq により解析し、この現象に関係する遺伝子候補を抽出している。

加速フェーズでは、フィチン酸生合成の遺伝子破壊株による mRNA の核外移行抑制における原因遺伝子の同定によってフィチン酸蓄積と mRNA の核外移行抑制のメカニズムが明らかになることが期待される。得られた結果をもとに植物の新しいタンパク質翻訳制御方法の開発につながることを期待している。

研究課題別事後評価結果

1. 研究課題名： 温故知新、翻訳装置に内在する微生物環境応答機構の理解

2. 個人研究者名

高田 啓（京都産業大学生命科学部 研究員）

3. 事後評価結果

本 ACT-X 研究では、バクテリアの翻訳制御に関して、緻密な実験を精力的に行い多くの成果を挙げている。まず、翻訳停止した RNA の網羅的解析により、翻訳停止を引き起こしやすいアミノ酸配列を明らかにしている。さらに、翻訳停止の解除に関わる新規タンパク質の同定にも成功している。また、以前に自らがバイオフィーム形成に関わることを明らかにしていたリボソームタンパク質の欠損株では、終止コドンの読み飛ばしが起こることを見出し、翻訳とバイオフィーム形成の関連を見出している。さらに、抗生物質耐性に関わるタンパク質がリボソームに相互作用することを見出し、新たな抗生物質耐性機構を提唱するとともに、別の菌ではこのタンパク質が翻訳抑制の解除に影響することを見出している。異なる細菌種のリボソームの翻訳正確性の違いも明らかにし、今後の研究のタネを多く見出している点も特筆に値する。このように非常に大きな成果を挙げ、論文化にも積極的に取り組んでいる点は高く評価できる。

本研究は、純粋なリボソームにおける翻訳制御の基礎研究でありながら、バイオものづくりや新薬開発という応用研究を橋渡しすることのできる研究であり、今後の研究の発展が大いに期待できる。本研究では、全ての実験を自らの手で行っており、その技量の高さと研究にかけるエネルギーの大きさは特筆される。ACT-X 内交流にも極めて積極的である点も含めて、本研究者の大きな強みである。今後、加速フェーズでの研究成果は言うに及ばず、本研究領域をリードする研究者としての活躍が大いに期待される。

研究課題別事後評価結果

1. 研究課題名： 環境中の損傷ウイルスサルベージ技術の開発
2. 個人研究者名
高橋 迪子（高知大学医学部 特任助教）
3. 事後評価結果

本 ACT-X 研究では、環境中の損傷ウイルスをサルベージする新たな技術の開発に精力的に取り組んだ。本課題は、当初、RNA ウイルスを標的としていたこともあり、非常に挑戦的な課題であったが、実施者は真摯にこの課題に取り組み、大きな成果を挙げている。具体的には、当初計画の RNA ウイルスの環境中からのサルベージそのものはいままでのところ、この研究活動の過程で培った技術とアイデアを最大限駆使することで、標的とする DNA ウイルス（ピロリ菌に感染するファージ）の完全なゲノムを回収し、本ゲノムを標的細菌に人為導入することで、感染を成立させ、標的 DNA ウイルスを再合成することに成功しており、高く評価できる。また領域内での共同研究を立案し、実施・展開することで、標的 DNA ウイルスのエピゲノム解読を通じて、エピジェネティックな変化が宿主細菌（ピロリ菌）の株レベルの感染能力に顕著に影響することを明らかにするとともに、感染させる宿主株を効果的に活用することで、多様な宿主株に感染し得るウイルスカクテルの構築に向けた指針が提示できている点も極めて高く評価できる。ピロリ菌感染ウイルスはこれまで分離例も少なく生理生態機能が不明な点が多いこと、また応用の観点での重要性を考慮すると、一連の取り組みの成果は高く評価され得るものである。

本研究者は、ACT-X 当領域内での連携への取り組みも非常に熱心であり、領域内研究者の良好な雰囲気醸成にも大きく貢献したと言える。今後、本 ACT-X での活動で培った研究者ネットワークを存分に活用しつつ、応用の観点からも重要であり機能的にも未知な点の多い環境ウイルスの実態解明をリードする研究者として、今後も発展していくことを期待している。

研究課題別事後評価結果

1. 研究課題名： 高温ストレスによる発芽阻害メカニズムの解明

2. 個人研究者名

竹内 純（静岡大学農学部 准教授）

3. 事後評価結果

本 ACT-X プロジェクトでは、高温ストレスによる発芽阻害が KAI2 シグナル伝達の抑制によって引き起こされるという仮説に基づき、KAI2 リガンドの探索を目指した野心的な研究を展開した。自身の専門である有機合成化学の技術を活用して、多様なリガンド候補を合成し、それらの結合力および構造特異性を解析した。結果として、仮説とは異なるものの、KAI2 および D14 に特異的な阻害剤を開発する研究へと繋がった。これは当初計画の変更が成功したことを示している。状況に応じた柔軟な研究戦略の立案は注目に値し、今後の研究活動への貢献が期待される。

ACT-X プロジェクトを通じて、高温ストレスによる発芽阻害という重要なテーマを探求する中で、独自の研究バックグラウンドを活かし、植物生理学の幅広い現象を解明するスキルを向上させることができた。将来、ケミカルバイオロジー研究の広範な応用に対する貴重な基盤となることが期待される。

研究課題別事後評価結果

1. 研究課題名： 細菌の宿主体内適応に関わる分子基盤の解明

2. 個人研究者名

竹下 和貴（秋田県立大学生物資源科学部 助教）

3. 事後評価結果

本 ACT-X 研究では、昆虫・植物どちらの宿主にも共生し、有益機能を与えられる微生物について、双方の宿主への定着に必要な遺伝子群の同定を目的として研究を推進した。着目した共生細菌の宿主の多様性という興味深さに加え、共生細菌単独での培養および遺伝子組換えが可能であるという利点も活かし、ACT-X 期間内の目標達成が期待された。まず、マメ科植物根粒菌のカメムシへの感染・共生実験の確立に成功し、提案の前提条件となる現象を実験室にて再現した。次に、両宿主への定着に必要な遺伝子の絞り込みを共生時の遺伝子発現を単独培養時との比較 RNA-seq 解析で進めた。苦労のあった植物根粒からの RNA 抽出は ACT-X 内研究者との共同研究により克服し、解析等についてもデータや手法が整いつつある。双方宿主への共生に必須な遺伝子を 1 つ見出し、検証したことは大きな成果と言える。

今後、微生物・植物・昆虫の相互作用は益々重要な分野になってくると考えられる。加速フェーズでは、当該根粒菌の異なる宿主への共生というユニークなメカニズムの解明と、さらには成果の活用にも期待している。ACT-X 内の人的交流も積極的に活用しており、そのつながりも糧として研究者としてより一層の飛躍を期待する。

研究課題別事後評価結果

1. 研究課題名： 人工進化実験による産業用酵素生産 Bacillus 株の耐酸性化

2. 個人研究者名

中西 貴士（ノボザイムズジャパン（株）研究開発部門 Department Manager）

3. 事後評価結果

本 ACT-X 研究では、酸耐性をもつタンパク質高生産株の育種を目的として、遺伝子変異技術と化学薬剤による変異導入を組み合わせた変異株作出に関する研究を展開した。自ら開発したハイスループットなスクリーニング系を駆使することにより、所望の菌株、すなわち、酸性条件下で菌体外タンパク質を高生産する変異株を得ており、産業化へつながる成果として期待できる。研究開始前から緻密な研究計画を立て、数万種類の株を獲得し、そこから目的の酵素にあわせたスクリーニング系を立ち上げることで、短い期間において着実に成果を得たことは非常に高く評価できる。加えて、得られた酸耐性株の変異部位の解析から、クエン酸回路等に関連する酵素群、CoA が関与する一群の酵素の本機能発現への関与を考察するなど、基礎的にも重要な知見の獲得に至っており、十分な成果を挙げたと言える。今後、同様のスクリーニング手法を用いることで、さらに低 pH 耐性の酵素高生産株作出への展望も描けるものと期待している。

唯一の企業からの参加という点をしっかり理解した上での ACT-X の諸活動への貢献、他のアカデミアからの参加者に与えた好影響などは評価に値する。企業からの参加のため、なかなか研究時間をとれなかった中で、着実に成果を創出し、社会実装へ直接的に繋がるテーマであったと考える。学会や論文発表などへの展開が困難な可能性は高いが、特許取得と可能な範囲での成果発信を期待したい。

研究課題別事後評価結果

1. 研究課題名： 柔軟性と頑健性を備えた季節温度適応能の分子基盤の解明
2. 個人研究者名
中山 友哉（名古屋大学高等研究院 特任助教）
3. 事後評価結果

本 ACT-X 研究は、メダカが持つ温度適応能の分子基盤を明らかにすることで、海洋生態系の保全技術や気候変動への適応策に貢献しようとする野心的な研究である。ここでは、魚体の平衡感覚を人工知能(AI)で評価する技術を確立し、それを利用して低温下での生存率に関与する転写因子 A を発見した。「AI による温度耐性評価系」という独自の方法論を確立し、新しい遺伝子を見つけたのは高く評価される。また転写因子 A が低温下での生存率に関与するという発見は大変進歩的で、低温に強い品種の創出に活かされることが期待できる。

加速フェーズでは、転写因子 A が制御する情報伝達経路や生理機能の解明が期待される。また、高温応答遺伝子の解析も進行中であることから、高温耐性メカニズムの解明にも期待している。これら一連の研究は、気候変動による水産業へのダメージを減らせるばかりか、新たなタンパク源としての魚類の可能性を広げるものとして大いに期待される。今後、関連するシンポジウムを企画するなど、積極的な情報発信も期待する。

研究課題別事後評価結果

1. 研究課題名： 転移学習を用いた非モデル生物の無細胞タンパク質合成系開発

2. 個人研究者名

西田 暁史（東京農業大学生命科学部 助教）

3. 事後評価結果

本 ACT-X 研究は、非モデル生物の無細胞タンパク質合成系の構築に対して大腸菌の学習済みモデルを転移学習に利用するという挑戦的な研究である。自動分注機とベイズ最適化を用いて大腸菌由来の無細胞タンパク質合成系を最適化している成果は本課題の基盤を成す点で重要な成果と言える。実験の単位操作における課題を見出し、無細胞系調製の自動化、プログラミングによるデータ補正を実現した。今後研究を進めるうえで非常に有用なツールになると思われる。*Pseudomonas putida*でのタンパク質発現を確認しており、今後の乳酸菌やビフィズス菌といった腸内細菌系への展開にも期待したい。産業ニーズの高い研究テーマであるため、これまでに見出した課題をクリアし、さらなるステップアップをされることを期待している。

研究課題別事後評価結果

1. 研究課題名： メタゲノムビッグデータを活用した微生物の環境適応因子の解明
2. 個人研究者名
西村 陽介（海洋研究開発機構海洋機能利用部門 特任研究員）
3. 事後評価結果

本 ACT-X 研究では、最大級のメタゲノム情報基盤を構築し、系統樹ベースの解析方法の開発に尽力した。メタゲノムは、今では一般的な手法となったが、多くの研究では、得られるデータを単なる多様性を示す情報として使われているに過ぎない場合が多い。そのフェーズを超えて、ビッグデータを横断的に解析する手法が必要となっており、当該研究者はその回答を与えるべく研究を展開した。具体的には、大規模なメタゲノムデータから解読したゲノム情報を活用して、窒素固定細菌の極域への環境適応因子の推定に繋がる成果を挙げており、実験計画が順調に進んだ。

今後、加速フェーズで新たなターゲット遺伝子についての解析に横展開することで、さらに新しい発見に繋がると期待できる。なお、新規遺伝子については、今後、実験的証明が必要になるかもしれないので、共同研究者の見込みなども立てておくが良い。また、腸内細菌など、環境メタゲノム以外においても、ノウハウは活用できると考えられるので、そのような展開（共同研究）にも期待したい。メタゲノム・ビッグデータに付随する環境メタ情報の整備も進めており、順調に進捗している。これを元に加速フェーズで、一層研究を展開してもらいたい。

研究課題別事後評価結果

1. 研究課題名： 次なる「緑の革命」植物の創出を目指した転写中核因子の研究

2. 個人研究者名

野崎 翔平（筑波大学生命環境系 助教）

3. 事後評価結果

本 ACT-X 研究は、植物の機能改変の鍵となりうる中核因子として、窒素吸収と生長肥大を促す巨大転写制御因子 DELLA に注目し、その多機能性をタンパク質科学・構造学の観点から解き明かそうという意欲的な研究である。多様な因子と相互作用する DELLA タンパク質の立体構造の全容を解明するというチャレンジングな研究提案であり、方法論の観点から解析は困難を極めたが、高効率な大腸菌やタバコでの異種発現系を確立してうまく方向転換したことで、酸化還元スイッチや未知因子の結合による DELLA の多量体形成制御の存在を発見するなど、大きな成果を挙げた。試験管内での転写因子複合体の再構成や、4 量体形成ができない変異体の作成にもすでに成功しており、これらを駆使することで、さらなる研究の突破口が開けると期待される。

今後の展開としては、すぐに植物改変への応用に繋げるのは難しいと思われるが、*in vitro* で発見した多量体による DELLA 制御という新たな可能性が *in vivo* でも検証できるかなど、これまで DELLA 研究者が見出せなかった制御機構の解明を、独自の切り口で着実に進めてもらいたい。また、ACT-X での出会いを生かし、すでに領域内共同研究として進めているイネやダイズの DELLA 解析なども通じて、分子機構だけでなく進化的な側面にも迫れるかなど、本成果をどうフィードバックされるかにも期待したい。

研究課題別事後評価結果

1. 研究課題名： フラボノイド生合成の細胞内動態を探る

2. 個人研究者名

和氣 駿之（東北大学大学院工学研究科 助教）

3. 事後評価結果

本 ACT-X 研究は、メタボロン研究という細胞内代謝解析の大きな課題に取り組んだ意欲的なテーマであった。植物フラボノイド生合成に関する深い知識をもとに、粘り強く、精力的に様々な手法を導入しながら未同定のメタボロン構成タンパク質の同定に取り組んだ。アントシアニン合成における未同定反応の関与酵素は海外別グループに残念ながら先駆けて発見されてしまったが、その研究成果も踏まえて新たな展開を構想し、研究を粘り強く継続している。植物フラボノイド代謝研究を代表する研究者として今後の研究のさらなる発展を期待している。また、カルコン還元酵素の遺伝子同定に利用できる酵母システムの構築ができており、将来的にデオキシカルコンの生合成メカニズムの解明が期待される。

ACT-X において様々な分野、背景の同世代の研究者と交流を持ち、共同研究が進められていることは、将来の研究の展開に非常に役立つことであろう。

研究課題別事後評価結果

1. 研究課題名： 野生イネが持つ花序形態環境可塑性の解明
2. 個人研究者名
縣 歩美 (名古屋大学大学院生命農学研究科 助教)
3. 事後評価結果

本 ACT-X 研究では、近縁野生イネ 300 アクセッションにおける穂形態の重要形質(穂長、穂軸長、一次枝梗長、一次枝梗数、二次枝梗数、一穂あたり種子数)の大規模評価を完了した。また、このデータを用い GWAS 解析をおこない QTL を複数同定できた。ユニークな遺伝資源の利用と、忍耐強い表現型解析によって、これから 5~10 年の研究材料を作れたことは大きな成果と言える。

今後はトランスクリプトーム解析や QTL 解析、遺伝子同定と機能解析、また育種利用に向けた検討などの展開が期待される。

(加速フェーズ)

上記の評価を受けて研究実施期間を 1 年間延長し、加速フェーズ研究を実施した。加速フェーズにおいて、栽培イネの穂形態に重要な影響を及ぼす野生イネ由来の遺伝子座の候補領域を特定し、絞り込むことに成功した。加えて、栽培イネと野生イネの分離集団を用いた QTL (量的形質遺伝子座) 解析を通じて、野生イネ由来の穂形態を制御する複数の遺伝子座を発見した。さらに、穂メリステムを用いたトランスクリプトーム解析を実施した結果、野生イネの穂形態の多様性に寄与する遺伝子群の発現量の変化を検出した。また、QTL の検出パターンを比較することで、野生イネが示す種内の穂形態の多様性を利用することにより、新たな QTL の発見及びその原因となる遺伝子の単離につながる可能性が明らかになった。以上の通り、加速フェーズにおいても本研究は大きく進展したと言える。今後は、野生イネ遺伝資源から有用遺伝子を単離し、将来的に育種へ応用することが期待される。

研究課題別事後評価結果

1. 研究課題名： 微生物の新規代謝物－酵素遺伝子の統合オミクス推定法の開発

2. 個人研究者名

岡橋 伸幸（大阪大学大学院情報科学研究科 准教授）

3. 事後評価結果

本 ACT-X 研究では、ノンターゲットメタボローム解析とゲノム情報を活用することで、未知化合物を生成する未知の酵素遺伝子を予測可能な、代謝物－酵素遺伝子の新規統合オミクス推定法の構築が試みられた。基盤情報となる 1000 億の酵素－代謝物ペアのカタログを整備することを起点に、in silico 予測系が確立され、ヒト腸内細菌 40 種のノンターゲットメタボローム解析をもとに既知のスフィンゴ脂質生産遺伝子を特定することで、本技術の有効性が確実に提示された。

加えて、特定の細菌種が生成する新規脂質群の構造決定と、その生成に関与する酵素遺伝子の特定を本統合オミクス推定法により実現したことは、きわめて先駆性の高い優れた成果であると言える。

今後、より精度を上げる方向性と、より簡便性を高める方向性の両軸でさらなる展開を進めることで、より多様な化合物群、微生物種を対象とできる技術に拡張されると思われる。本技術の有効性と、本研究者のオープンな気質が、この潮流をさらに加速させると考えられ、今後の研究コミュニティの拡張と、生物資源探索への貢献が大いに期待される。

(加速フェーズ)

上記の評価を受けて研究実施期間を 1 年間延長し、加速フェーズ研究を実施した。加速フェーズでは、RNA seq の本技術への寄与度、ならびに、機械学習導入の有効性が検証され、付随すべき技術の仕分けが確実に達成された。また、開発したノンターゲットメタボローム解析とゲノム情報を融合する統合解析プラットフォームを活用し、極性頭部に特徴的な構造を持つ新規な脂質とその生合成経路上にて機能する新規酵素の特定に至っており、開発技術の有効性をさらに明確に示す成果を得ている点で、著しい進捗を見せた。本技術が、新たな代謝物、酵素を見いだす新規 in silico 技術として汎用される可能性を提示したと言える。加えて、ACT-X 研究者間での共同研究を積極的に牽引しており、将来の分野融合の核となる研究者としての活躍が期待される。

研究課題別事後評価結果

1. 研究課題名： 遺伝子多重破壊法を用いた感染メカニズムの網羅的解明

2. 個人研究者名

熊倉 直祐（理化学研究所環境資源科学研究センター 研究員）

3. 事後評価結果

本 ACT-X 研究では、有用作物を含め植物の重要な病原性糸状菌である炭疽病菌を対象に、独自の技術（多重遺伝子破壊技術等）を駆使してその感染にかかる分子メカニズムを解明しようとする、学術・産業の両面で重要な課題にチャレンジしたものである。実際に、本研究において、感染に関わる遺伝子を4つ同定することに成功するとともに、病原菌の付着器を介した植物細胞への侵入に関与する鍵因子を取得するなど大きな成果を挙げている。

さらに、在外研究において、新たな技術を習得・解析し、また ACT-X 内での共同研究（AFM イメージング技術等）を通じて、感染メカニズムに迫る重要な発見にも至っており、関連成果は国際誌において複数の論文（筆頭、共著論文）として結実させるなど、研究者として大きな飛躍を遂げている。今後、関連分野の国内外の研究を牽引する研究者としてさらなる飛躍が期待される。

(加速フェーズ)

上記の評価を受けて研究実施期間を1年間延長し、加速フェーズ研究を実施した。加速フェーズの主要課題いずれも順調かつ着実に進展しており高く評価できる。特に、加速フェーズ前までの成果で絞り込んだ炭疽病菌の重要な2つの遺伝子の生産物の同定も、非常にチャレンジングな課題でありながら独創的なアイデアでその同定にほぼ至りつつあり、極めて高く評価できる。また2遺伝子由来のタンパク質の局在は完璧にイメージングできており、AFMによる膨圧に関与し得る付着器細胞壁の孔のサイズの計測も世界初の取り組みであり、その成果が大いに期待できる。以上のように、炭疽病菌の感染関連遺伝子の同定、遺伝子産物の局在情報、ならびにAFMによる表面構造の解析など多岐にわたり解析されており、加速フェーズで期待される成果を十分に挙げている。今後、社会実装への足がかりとして本成果の活用が大いに期待できる。

研究課題別事後評価結果

1. 研究課題名： エコプロバイオティクスによる環境適応型サンゴの創出

2. 個人研究者名

高木 俊幸（東京大学大気海洋研究所 助教）

3. 事後評価結果

本 ACT-X 研究では、有用共生細菌を用いた褐虫藻の活性化・健全化を通じて環境適応型サンゴホロビオンを創出しようとする非常に意欲的かつ挑戦的な課題に取り組んだ。研究を実施展開する中で、幾度も予想し得ない難題に直面しながらも、真摯に向きあい、失敗を糧に課題を克服する過程で、思いも寄らない発見を積み上げながら一つ一つ着実に大きな成果を出している点は、挑戦的で魅力的な研究を志向する ACT-X らしい研究でもあり高く評価できる。特に、褐虫藻に対して有益な形質をもたらす有用共生細菌を発見するとともに、共生細菌－褐虫藻－サンゴの 3 者からなる「サンゴホロビオン」の作出に世界で初めて成功した点も極めて高く評価される。

今後は、本研究分野においてさらに大きな飛躍が期待されるとともに、学術分野のみならず、昨今の地球規模の環境変動に伴い、絶滅の危機にあるとも言われるサンゴ礁を守り・再生してゆく取り組みを国際的に推進・牽引し得る研究者としての活躍が大いに期待される。

(加速フェーズ)

上記の評価を受けて研究実施期間を 1 年間延長し、加速フェーズ研究を実施し、加速フェーズの 2 つの目標をほぼ達成しつつある。特に 1 つ目の課題である褐虫藻培養法は、自身が見出した共生細菌を用いることで確立しており、非常に高く評価できる。また 2 つ目の課題である環境適応型サンゴホロビオンの創出については、非常にチャレンジングな課題でありながら、褐虫藻－共生細菌を用いて細菌叢操作した褐虫藻がなぜ高温耐性を宿主サンゴにもたらし得るかという重要な問いを解明しており、高く評価できる。実験室での再構成の難しさにより、最終的に加速フェーズ期間内において、環境適応型サンゴホロビオンの構築には至っていないものの、イソギンチャクモデル利用への足がかりを掴んでおり、社会実装を目指す加速フェーズを実施した意義は十分にあったと評価できる。本研究者は、ただ「難しい」で終わることなく、今回、フィールドの野生サンゴの調査から還元的に見出した「褐虫藻－細菌共生関係」の重要性を実証する計画を立案しており、今後のサンゴの白化抑制に向けた技術確立が大いに期待できる。

研究課題別事後評価結果

1. 研究課題名： 植物の近交弱勢における遺伝機構の解明

2. 個人研究者名

竹島 亮馬（農業・食品産業技術総合研究機構作物研究部門 研究員）

3. 事後評価結果

本 ACT-X 研究では、植物の近交弱勢に着目したストレス耐性に強い植物を育種しようとする独自の研究を実施展開した。特に、ソバという難しい研究材料に対し、レファレンスゲノム情報を整備し、遺伝子機能解析系を構築して、近交弱勢の原因遺伝子座を特定（候補遺伝子の推定）できた。また、近交系で大規模な欠失が起こることを見出したことは大きい成果である。当初の計画をうまく達成し、非常に興味深い現象の一端を捉えている可能性が高いので、このまま、発展させていきたい。

今後は、エピジェネティックな要因の可能性と潜性遺伝子のホモ化などの考察を利用して、近親交配による生殖器官の弱勢化の阻害効果が予想できるため、これからの解析に期待する。

(加速フェーズ)

上記の評価を受けて研究実施期間を1年間延長し、加速フェーズ研究を実施した。加速フェーズでは、近交弱勢を引き起こした系統のゲノムにおける大規模な欠損に焦点を当て、近交系でのゲノム欠失の発生機構を解明することを目指した。具体的には、ロングリードシーケンスを用いて近交系のゲノム構造差異を同定・定量化し、新規なゲノム欠失領域の検出に成功した。今後、近親交配の過程で生じ得る新規のゲノム構造変化の発生メカニズムの解明が期待される。さらに、加速フェーズ中に、関連する研究課題と連携し、普通ソバの高精度リファレンスゲノムの構築、ソバの異形花型自家不和合性の分子機構の解明などに関わる論文を発表した。これにより、ソバ育種への応用がさらに期待される。

研究課題別事後評価結果

1. 研究課題名： 環境調和型病害防除法を実現する微生物叢人工制御基礎研究

2. 個人研究者名

西岡 友樹（産業技術総合研究所生物プロセス研究部門 産総研特別研究員）

3. 事後評価結果

本 ACT-X 研究は、化学農薬に依存しない病害防御法を開発しようとする研究である。土壌中の微生物菌叢を人工的に制御する方法を開発することを目的にしている。その中で、土壌微生物叢の制御ポテンシャルを有すると想定した微生物群（微生物叢制御微生物候補）を利用しようという意欲的なアプローチである。研究開始時には、培養、単離の系の構築に苦労したが、そこをブレイクスルーすることで微生物叢制御微生物候補を単離できるようになった。系統的に非常に新規性の高い微生物の同定に成功し、土壌病害に対しても抑制効果が期待されるような微生物を同定している。

これらは、当該研究における世界でも第一人者になれるような成果と言える。今後、応用面のみならず、制御メカニズムの解明も期待される。本研究成果を中心として多くの新たなテーマが生まれてきている。ACT-X としてより大きなネットワークを構築し、本分野の基盤を創っていただきたい。ACT-X らしい素晴らしい展開をしており、今後も期待している。

(加速フェーズ)

上記の評価を受けて研究実施期間を1年間延長し、加速フェーズ研究を実施した。加速フェーズでは、これまでの ACT-X 課題の中で確立した独自の分離培養法を駆使し、新たな微生物叢制御微生物候補の分離培養に成功しただけでなく、これまでに得られた候補株のゲノム解析を実施し、獲得した候補株の一部は系統新規性が極めて高いことを明らかにしている。さらに、複数の候補株が土壌微生物叢制御ポテンシャルを有することも判明した。候補株が他微生物を制御する動態をリアルタイムにモニタリングしており、それぞれの微生物の増殖の特徴をさらに詳細に解析している。候補株と制御される微生物との関係性についての情報も蓄積されつつある。

加速フェーズ研究を含む ACT-X 研究期間を通じて、微生物研究、農業問題解決などへ大きなインパクトを与える基盤を構築できたといえる。新規の環境調和型土壌病害防除法技術開発につながる成果であり、論文・特許として着実に結びつけている点も高く評価できる。今後、本研究をもとに自身がどの研究分野に重点をおいて展開していくのか、また、研究者ネットワークを活用し、多くの研究者とより幅広い展開をしていくのかを決めるべき時機に来ているように思われる。本研究から世界への大きな飛躍を期待する。

研究課題別事後評価結果

1. 研究課題名： シングルゲノム情報を用いた水圏ファージ-宿主間の相互作用解析

2. 個人研究者名

西川 洋平（産業技術総合研究所 産総研・早大 生体システムビッグデータ解析オープンイノベーションラボラトリ 研究員）

3. 事後評価結果

本 ACT-X 研究では、バクテリオファージの 1 粒子ゲノム解析技術を確立し、河川水の 1500 程度のファージ（未知のウイルスを多数含む）のゲノムを決定することに成功している。また、本技術を適用し、5000 個以上の海水ファージのゲノム配列の獲得にも至っており、それらの成果を国際誌に発表している。これらの成果は、環境科学、ウイルス学、生態学などの観点から高い価値を有しており、高く評価できる。また、メチルトランスフェラーゼに関する研究成果は非常に興味深く、ドロップレットを用いたシングルウイルス解析だからこそ得られた新たな知見として注目される。

今後、同様の視点で水平展開できれば、環境ウイルス領域を代表する研究へと発展することも期待できる。なお、今回の研究を通じて、恒久ポストの獲得に至った点は高く評価できる。今後、独立した立場での研究が増えてくると思われるが、より大きな研究プロジェクト立案に向けて、ACT-X 研究者を含む外部研究者との連携を積極的に進めてもらいたい。

(加速フェーズ)

上記の評価を受けて研究実施期間を 1 年間延長し、加速フェーズ研究を実施した。加速フェーズで取り組みはじめた土壌由来の試料からのウイルス解析も、順調に推移していると評価できる。植物根圏内の微生物-ウイルスの相関なども見えてきており、「相互作用をシングルウイルス解析から見る」という新たな手法が確立される可能性が出てきている。今後、河川由来のものも含め、同時期の細菌のデータセットと詳細な比較解析を進めてもらいたい。ホストの推定など、より詳細で興味深い情報が得られると期待できる。時系列の中でのウイルスの変遷は何によりもたらされるのかなど、微生物生態学の観点でも興味深い知見を提供する可能性もあり、今後の展開に期待したい。また、解析を通して多数のウイルスのゲノムを決定することに成功している。さらに宿主菌との適応戦略の一端も解き明かしている。ポイントはハイスループット技術を確立したところであり、自らの得意な技術を十分に活用した成果と言え、高く評価したい。

研究課題別事後評価結果

1. 研究課題名： 生物の表面と内部を可視化する超解像液中 AFM

2. 個人研究者名

宮澤 佳甫（金沢大学理工研究域 助教）

3. 事後評価結果

本 ACT-X 研究では、生物の表面と内部を可視化する超解像液中 AFM 用探針の開発というテーマにおいて、空間分解能を上げるために針を細くするという難しい課題を、カーボンナノチューブを用いる独自アイデアにより新規探針を開発することで解決し、直径 2 nm の DNA の構造を正確に可視化できる液中 AFM 技術を達成するなど大きな成果を挙げている。また、様々な生体試料の表面構造、力学特性のナノスケールでの測定にも成功している。

ACT-X に参加することによりバイオ系のマテリアルの計測にフィールドを広げ、本人の研究の幅が格段と広がっていることが認められることは、素晴らしいといえる。また、ACT-X 内でのコラボレーションも活発に行われており、領域内の研究の活性化にも大きく貢献している。

独自の研究ツールを駆使し、様々なフィールドの研究者とのコラボレーションを通して、今後の活躍が非常に期待される研究者である。また、計測環境の影響を受けず、細胞を非侵襲、非染色で観察できる技術は需要が高く、他の研究者の研究への寄与も高く、今後の活躍に大いに期待している。

(加速フェーズ)

上記の評価を受けて研究実施期間を 1 年間延長し、加速フェーズ研究を実施した。加速フェーズでは、それまでの研究期間中に開発した探針を用い、領域内研究者と精力的に共同研究を進め、彼らの持つ原核・真核微生物、植物など様々なサンプルの細胞壁計測に取り組み、生きた細胞をナノスケールの分解能で計測するための手法を確立した。また、実際に種々の生物サンプルの測定を行うことにより、さらに分子レベルでの解析を進めるために必要な課題も見出された。今後、AFM がバイオ領域での超解像計測手法として普及していくための、技術の蓄積、発展が加速されることが期待できる。

研究課題別事後評価結果

1. 研究課題名： 炭素栄養の転流の自由自在な制御に向けた研究

2. 個人研究者名

三好 悠太（量子科学技術研究開発機構量子技術基盤研究部門 主任研究員）

3. 事後評価結果

本 ACT-X 研究では、ポジトロンイメージングと炭素放射性同位体 ^{13}C を用いた炭素の高速の時空間的解析がイチゴを中心とした植物において実施され、葉で固定された炭素の茎、根、果実といった他の器官へ転流する様態を可視化、定量化することに成功しており、目標とした研究成果は十分に達成されていると考えられる。イネなどの他の植物への応用も開始しており当初の目標を超えて想定以上の成果が得られていると考える。

また、温度環境を変えた際に細胞の遺伝子発現がどのように変化したかといった情報と突き合わせることにより、どのようなメカニズムで植物が環境変動に適応し、炭素転流を変化させるのかという植物の代謝転流の本質的な問いを明らかにしていく研究として非常に重要な成果が得られつつある。

安定同位体 ^{13}C を用いた炭素化合物の同定、長期期間にわたる炭素の変動などにも着手することを構想している点、物理学、生物学、化学、数理解析学など様々な学術分野を統合して新たな研究を展開していく構想を自ら模索するなど、今後の益々の発展が期待される。

(加速フェーズ)

上記の評価を受けて研究実施期間を1年間延長し、加速フェーズ研究を実施した。加速フェーズでは、開発されたポジトロンイメージング技術をさらに発展させ、物質的、時間的、空間的により詳細に代謝転流を解析できるシステムへの拡張が行われている。特に、これまでの ACT-X 研究期間では時間的に短い期間の解析にとどまっていたが、加速フェーズでは、安定同位体標識と質量分析を組み合わせることで、葉で固定された CO_2 が代謝を経て転流され周辺組織へ蓄えられることを示すことに成功しており、大きな進展が得られたと考えられる。また、前年からの研究を継続し、低温度環境で代謝転流を抑制、回復させるのに関連する可能性のある遺伝子を RNA-seq により見出し、代謝転流に関わる生物学的メカニズムの解明が今後期待される。独自に開発した代謝転流の解析手法は本研究で用いられたイチゴだけでなく他の作物種への応用が可能であると考えられ、多くの植物研究の解像度を上げる手法として発展することが期待される。

なお、研究代表者はオランダ Wageningen 大学に本成果が認められ2年間留学することが決まっている。オランダで国際共同研究を推進し、研究者としてさらに大きく飛躍することを期待している。

研究課題別事後評価結果

1. 研究課題名： タンパク質多量化技術による生合成制御

2. 個人研究者名

吉村 柁彦（京都大学高等研究院 特定助教）

3. 事後評価結果

本 ACT-X 研究では、生物のタンパク質多量化を模倣し、有機合成化学・タンパク質工学・核酸化学的手法を駆使して、連続酵素反応が可能なタンパク質多量化技術を構築する独創性の高い研究を進めている。これまでにナノメートルサイズの核酸構造体を開発し、タンパク質と核酸の連結により、核酸ナノ構造体へタンパク質を設置することに成功している。タンパク質の設置場所を自在に設計できる基盤技術の確立は、酵素を用いた物質生産に革新的な技術提供ができ、今後の汎用性拡大が期待できる。特に様々な種類のタンパク質を設置出来ることを実証したことは、酵素反応機構の基礎検討などへの展開を可能にするため、タンパク質科学に大きな知見を与える成果と言える。

さらに、核酸ナノ構造体上へのタンパク質設置技術と並列して、核酸ナノ構造体の高次元集積技術の開発にも成功した。以上のように、連続酵素反応効率化に向けて必要な技術を複数実現している点は非常に高く評価できる。

今後は、これまでに得られた技術の概念実証として、標的物質の効率的な生合成への展開を目指しており、有機合成化学による大量提供が困難な複雑構造をもつ化合物を低コストで大量生産することができる技術として発展が期待できる。今年度、創発的研究支援事業にも採択されており、大いなる飛躍を期待する。

(加速フェーズ)

上記の評価を受けて研究実施期間を1年間延長し、加速フェーズ研究を実施した。加速フェーズでは、タンパク質をナノ空間に精密に配置できる技術の実証試験を行っている。特にタンパク質間の相互作用において、ナノ空間での可動領域を精密に制御できることを示し、タンパク質解析における新たなツール提供につながった。また、本技術はナノ空間を利用することで弱いタンパク質間相互作用を簡便に再現することが可能となり、これらの相互作用の阻害剤スクリーニングに展開できることを実証した。一般的な溶液の濃度の概念とは異なるタンパク質の局所的濃度の概念の確立、そしてその定量法も確立されたことは目覚ましい進展と言える。これらの知見、手法は、今後新たな弱い相互作用を介した酵素反応への応用、また液液相分離に関連する弱い相互作用解明などの基礎研究の画期的な手法となり、さらなる発展が見込まれる。また、ナノ構造体を大量に作成できることから、新たな物質生産技術としての展開など産業応用の可能性も高い。社会実装フェーズまでにはまだ改良しなくてはならない点もあるが、重要な特許出願等を行い、着実に成果が得られていることを鑑みても、今後の進展が大いに楽しみである。