

令和4年度 貞明皇后研究助成採択一覧（7件）

今年度は、下記の7課題について採択をしました。（助成総額 9,472,000 円）

研究題目 及び 研究概要（申請時）	研究代表者	助成金額
① Enterococcus 属細菌の増殖を抑制する飼料組成の解明と抗生物質無添加飼料の開発	農業・食品産業技術総合研究機構 上級研究員 平山 力	1,500 千円
<p>カイコの人工飼料には、細菌病の予防のために抗生物質が添加されているが、耐性菌の出現によりその使用が厳しく制限されるようになり、今後は抗生物質無添加の人工飼料が必要とされるものと予想される。昨年度の研究により我々は細菌性軟化病の原因菌 <i>Enterococcus munditii</i> の増殖を抑制するために必要な飼料条件等を明らかにしたので、今年度はその成果をさらに発展させ、抗生物質に代わる安全な天然由来の抗菌活性物質を添加した新たな人工飼料を設計し、飼育実証試験を行う。</p>		
② 水耕栽培を利用したクワ遺伝資源の活用に関する技術基盤の確立	信州大学 教授 松村 英生	1,500 千円
<p>クワの水耕栽培によってその利用（食品や化粧品原料、新しい養蚕業への利用など）を展開する上で課題となる種苗増殖の技術や用途に応じた品種の選定法について解決することを目的とした研究を行う。露地（屋外）で栽培されるクワ品種を水耕へ移植および増殖する技術を確立すると共に、本学で保有する多様なクワ遺伝資源を中心とした複数品種について水耕栽培時の生長評価や機能性成分、遺伝子発現などの生化学的特性を評価する基盤的な技術および条件の確立を行う。</p>		
③ 新規高フィブロイン繭の開発とその応用に関する研究	京都工芸繊維大学 教授 小谷 英治	1,512 千円
<p>カイコ絹フィブロインは、繊維利用に留まらず、医療用バイオマテリアルとして活用できる。申請者は、セリシン発現の抑制により、高純度フィブロイン繭（高フィブロイン繭）を生産する遺伝子組換えカイコを作出した。この繭を用いれば、フィブロインを得るための加熱・精練処理コストを下げられ、素材加工法の幅が広がる。本研究では、この繭からの未分解フィブロイン素材の調製と加工、さらにその組織工学的応用について検討する。</p>		

④ クワコの蛹期間長期化能力の解明と新規蚕品種および利用技術開発への応用	山口大学 教授 小林 淳	1,473 千円
<p>申請者が 17 年間選抜・維持してきたクワコとカイコの雑種系統（蛹期間は最長 200 日以上）とクワコ染色体セミコンソミック系統シリーズを交雑して、蛹期間長期化の原因遺伝子（群）の座乗する染色体を網羅的に探索し、同定を試みるとともに、雑種系統における蛹期間不均一化に対するエピジェネティック制御の関与を阻害剤を用いて検証し、得られた知見を長期かつ均一な蛹期間を有する新規実用蚕品種の DNA マーカー育種ならびに多様な用途の創出に役立てる。</p>		
⑤ 食料利用に向けた蚕の栄養評価及び機能性成分分析	群馬県蚕糸技術センター 技師 滝沢 俊介	1,500 千円
<p>SDGs の観点から代替タンパク質源として、副産物である蚕蛹が注目を集めている。国内の蚕糸業では多様な生糸が求められるため、蚕蛹も品種別に産出されている。しかし、食料利用として蚕蛹の栄養成分・機能性はほとんど分析されておらず、品種毎に調査されていない。また、蚕を食料として利用する場合、幼虫についても検討する必要がある。本研究では蚕品種と加工方法の違いが栄養成分・機能性に与える影響について調査し、蚕の新しい価値を見いだす。製糸工場や養蚕農家の新しい収入源としての展開を図る。</p>		
⑥ 絹および繭を識別するためのデータベース構築と基礎情報の収集	農業・食品産業技術総合研究機構 主席研究員 梶原 英之	500 千円
<p>生繭からマルセル石鹼処理した繭までのそれぞれの段階において、品種識別に使用する質量スペクトルデータベースの構築をする。また、実用品種についてはギ酸処理では判別困難なものが出てきたので、さらにトリプシン処理を行うことで可能とする。この時の厳密な反応条件を決定する。ギ酸およびトリプシン分析法について切断アミノ酸や修飾部位を明らかにすることで、迅速な繭・絹の品種判別法の基礎とする。</p>		
⑦ 分離細繊維の原因遺伝子の同定	学習院大学 助教 李 允求	1,487 千円
<p>絹製品の品質低下につながる形質「分離細繊維（ラウジネス）」の原因遺伝子を順遺伝学的に同定することを目的とする。また分離細繊維を支配する遺伝子座と強く連鎖するマーカーを作成し、潜在的に分離細繊維を発生させる系統とそうでない系統の簡便な識別方法を開発する。具体的には、分離細繊維を発生させる系統と、そうでない系統のゲノム DNA-seq・RNA-seq をおこない、それらを組合せ、マーカーの設計およびポジショナルクローニング解析に利用する。</p>		