

科学研究費助成事業 研究成果報告書

令和 2 年 6 月 17 日現在

機関番号：16201

研究種目：挑戦的研究(萌芽)

研究期間：2017～2019

課題番号：17K18781

研究課題名(和文)行列模型に基づくファットグラフの分子生物学への応用

研究課題名(英文)On applications of fatgraph techniques to the molecular biology via matrix models

研究代表者

藤 博之(Fuji, Hiroyuki)

香川大学・教育学部・准教授

研究者番号：50391719

交付決定額(研究期間全体)：(直接経費) 4,900,000円

研究成果の概要(和文)：本研究課題では、ファットグラフの手法の分子生物学への応用に関する研究を行った。ファットグラフのアイデアは、量子場の理論の摂動論に関する研究から生み出されたものであり、数学においてはモジュライ空間の幾何とトポロジーを調べる上で有用であることが知られており、近年ではRNAやタンパク質の二次構造予測に役立つ研究も行われている。

本研究課題では次の2つの側面に関する研究を行った：(1)タンパク質の二次構造を予測する新たなモデルの構築、(2)行列模型を通じたファットグラフの手法。(1)では還元した二次構造「メタ構造」を予測する数理モデルを構築し、(2)ではミラー対称性やQCDの解析への応用を行った。

研究成果の学術的意義や社会的意義

ファットグラフはこれまで、理論物理学や代数学・幾何学などの学際領域で主に用いられてきた手法であり、半世紀年近くの発展の中で素晴らしい結果をもたらしてきた。こうした純粋数理研究の応用先として、分子生物学におけるRNAやタンパク質の構造予測問題に取り組み、新たな学際研究の推進に役立つことが、本研究の意義の一つである。

本研究課題の期間中は、新たなタンパク質の構造予測モデルの構築に関する研究を、デンマークのオーフス大学QGM研究所と共同で取り組み、タンパク質の「メタ構造」と呼ぶ新たな構造予測問題を発見するに至った。

これらの結果は高分子化学などの新たな応用先を探る上で有用なものであると考えられる。

研究成果の概要(英文)：In this research project, various fatgraph techniques are applied to the study of the molecular biology. The basic concept of the fatgraph was introduced originally in the perturbative study of the quantum field theory, and such idea is found to be useful to represent the geometry and topology of moduli spaces in mathematics. In recent years, the fatgraph is applied to characterize the biomolecules such as RNAs and proteins, and it is found to be useful to improve the predictions of their secondary structures.

In our work, we focused mainly on the following two aspects of the fatgraph techniques: (1) propose a new model to predict the secondary structure of proteins, (2) develop the basic aspects of fatgraph techniques via matrix models.

On the aspect (1), we found a novel mathematical model to predict the reduced secondary structure referred to "meta-structure" of proteins. On the aspect (2), we have proposed novel fatgraph techniques in the mirror symmetry and two-color QCD.

研究分野：数理物理学

キーワード：ファットグラフ 行列模型 量子幾何学 タンパク質 メタ構造 RNA 量子曲線 位相的漸化式

様式 C - 19、F - 19 - 1、Z - 19、CK - 19 (共通)

1. 研究開始当初の背景

本研究の研究開始当初、ファットグラフの手法を応用した分子生物学の研究は、デンマークのオーフス大学 QGM 研究所を中心として、主に二つのアプローチからなされていた。一つ目のアプローチは、ファットグラフの種数と境界の数をを用いて RNA の二次構造と擬ノット構造を特徴づけ、出現頻度分布を予測する数理モデルの構築である。二つ目のアプローチは、古くから用いられてきたラマチャンドラン・プロットの代わりに、ファットグラフの $SO(3)$ 構造を基にして、タンパク質の二次構造の予測問題に取り組む研究である。それぞれのアプローチは新奇なものであり、特定の条件の下では優れた構造予測が可能となることが報告されていた。

2. 研究の目的

本研究課題では、ファットグラフの位相的データである種数や境界の数をを用いて、RNA やタンパク質の構造予測問題と構造理解を目的とした新たな数理モデルの構築を目的としている。RNA やタンパク質などといった生体高分子は、細胞内では特定の形に折り畳まれている。その折り畳まれた形を表すには、高分子を構成する原子の空間的位置や原子間の空間的距離などといった複雑な情報が必要となる。これに対し、鎖状高分子をファットグラフとして表した場合には、新たに種数や境界数などといった位相不変量が、グラフを特徴づける新たな指標として得られる。こうしたファットグラフの位相不変量を用いて、RNA やタンパク質の折り畳まれた形を特徴づけ、その構造を理解・予測をより効果的に行うことが本研究課題の目的となる。

3. 研究の方法

本研究課題で行われた研究は、(1)「行列モデルに基づく組み合わせ論的数理モデルの構築」と(2)「タンパク質構造データベース(PDB)のデータを用いた構造予測モデルの構築」の二本立てで行われた。

(1)理論物理学の観点では、ファットグラフは量子場の理論の物理量を摂動的解析するための道具立てとして導入された概念であり、特に行列モデルの物理量の漸近展開に現れる、幾何的・組み合わせ論的構造を系統的に取り扱う上で有用な道具立てである。一方で、幾何的観点においては、ファットグラフは主にモジュライ空間のセル分割を行う際に有用な道具立てとして知られている。これらに共通する特徴は、ファットグラフには「種数」という位相的情報が付与されているため、種数ごとに仕分けして物理量や幾何的対象を取り扱うことを可能とすることが挙げられる。

こうしたファットグラフに基づく漸近展開に対し、数理物理学では行列モデルの漸近解析の方法が数多く開発され、様々なモデルへの応用がなされている。本研究では位相的漸化式や直交多項式の方法を用いて、RNA やタンパク質を表現する数理モデルの解析を行った。

(2)ファットグラフモデルに基づく RNA やタンパク質の数理モデルに基づいて、RNA やタンパク質の構造予測を行うには、タンパク質構造データベース(PDB)の解析が必要不可欠となる。この解析においては、オーフス大学 QGM 研究所のグループによる一連の先行研究において開発された、PDB データからファットグラフの種々のデータを生成するためのデータ処理システムおよび南デンマーク大学の計算機クラスターを活用した。

特に、タンパク質の構造予測に関しては、二次構造そのものよりもタンパク質の主鎖の部位を、 α -ヘリックスと β -ストランドとそれ以外の β -シート構造(ターンや、短くヘリックスを構成し損ねた部分)の3つの局所構造に分類し、これらの簡約した局所構造同士がつながる構造、とりわけ β -ストランドが繋がって β -シートが生成される構造を「メタ構造」と呼び、タンパク質の折り畳み方を表現するための新たな構造を導入した。(一次構造と二次構造の中間にあたる、1.5 次構造のようなものとして考えている。)

本研究ではタンパク質のメタ構造予測において、ファットグラフを活用して、予測精度の向上を確認した。

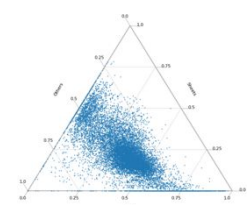
4. 研究成果

3年間の研究機関の研究成果は以下の4つのものに分けられる。(1)と(2)は分子生物学への応用研究であり、(3)と(4)はこの研究を進める中で用いた手法を幾何学や理論物理学へ応用した結果得られた成果である。

(1)タンパク質のメタ構造予測:

タンパク質の二次構造は、水素結合を通じて α -ヘリックスと β -シートが構成される様子を表すデータであり、アミノ酸配列である一次構造から二次構造を予測する問題は分子生物学の有名な問題である。こうした構造予測問題に対し、近年では深層学習の手法を応用した研究が著しい成果を挙げており、今まさに変革の時期にあると言える。

一方で、折り畳まれたタンパク質の形を特徴づけるには、構成原子の配置関係を見る他なく、古くから用いられてきたラマチャンドラン・プロット以外に形を特徴づける指標が存在していなかった。こうした状況

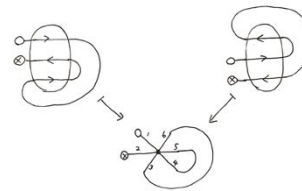


(a) Proportion of 3 classes in secondary structure sequences

、構造の分布

に対し、オース大学 QGM 研究所を中心とする研究チームは、モジュライ空間の幾何や 3 次元多様体およびその中の絡み目に対する量子不変量を定めるためにトポロジーの研究でしばしば用いられてきたファットグラフによって、折り畳まれたタンパク質の形を効率良く特徴づけられると考え、これまでに様々な形の応用研究に取り組んでいる。

本研究では、特にファットグラフの位相不変量である種数と境界数に着目し、構造予測のための数理モデルの構築を試みた。方針としては、一次構造データから完全な二次構造を予測するのではなく、アミノ酸配列データと α -ヘリックスと β -ストランドとそれ以外の β -構造の組み合わせ構造を基にして、 β -シートが形成される方法を予測するという「メタ構造予測問題」に取り組んだ。



メタ構造とファットグラフ

特に本研究で追求したポイントは、メタ構造を表す際に、ターゲットとなるタンパク質をファットグラフとして表現し、その種数-境界数分布に関する学習データから構造予測精度を向上させるという点にあり、評価データの検証段階ではメタ構造的中精度が 90% を超える結果が得られた。

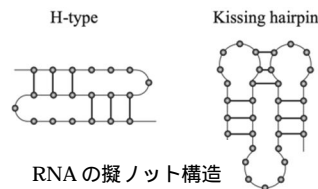


種数と境界数の分布のヒートマップ

現在、これらの結果をまとめた論文を執筆中であり、今後は深層学習の手法を導入し、さらにアップデータされてサンプル数が飛躍的に増加した最新の PDB データを用いることによって、この予測精度の向上を目指す予定である。

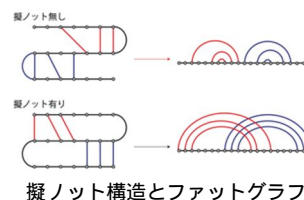
(2) RNA の擬ノット構造の分類：

RNA は塩基同士が対を成して結合することによって折り畳まれる。RNA の二次構造は、ステム構造とループ構造からなるが、それ以外の例外的な構造として擬ノット構造が現れる。擬ノット構造を含めて二次構造予測を行うと NP 完全となるために、擬ノット構造の効率的な取り扱いが求められる。



RNA の擬ノット構造

ファットグラフを用いて RNA を表すと擬ノット構造の有無はファットグラフの種数が 1 以上かどうかという形ですぐさま判別できる。こうしたファットグラフの特性を利用して、本研究では種数や境界の長さなどのデータを含めた、RNA を表現するファットグラフのスペクトルを「Boundary point and length スペクトル」と称して導入し、ファットグラフの数え上げモデルを解析した。

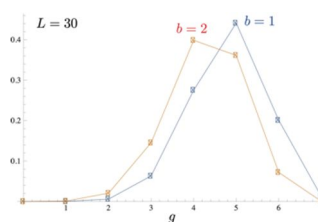


擬ノット構造とファットグラフ

本研究課題期間中は、採択前にオース大学 QGM 研究所と共同研究で提唱した、Boundary point and length スペクトル毎に仕分けをしてファットグラフの数え上げを行うための行列模型 (RNA 行列模型と呼ぶ) の理解を深めることを目的に研究を進めた。RNA 行列模型は二つの外場を含む行列模型であるために、数値解析が容易ではないため、まずはこのモデルのパラメータを減らして、厳密に解析できるモデルを中心に解析を進めた。

RNA 行列模型の外場を恒等行列まで簡略化して、一本鎖の RNA に限定したモデルはガウス型行列模型に帰着し、Vernizzi-Orland-Zee による先行研究で提唱されたモデルに帰着する。ここまで簡略化したモデルは、直行多項式の方法を用いて、仕分けされたファットグラフの数の生成母関数が無限和の形で得られる。そこで、Vernizzi-Orland-Zee のモデルの拡張として、二本鎖や向き付けの無いファットグラフまで拡張したモデルを解析し、仕分けられたファットグラフの数の分布の様子と、PDB のデータの傾向を比較した。

解析の結果は、定性的には類似の傾向が見られるものの、定量的には単純な数え上げモデルではファットグラフ数は PDB データよりも大きくなるのが分かり、今後の研究では RNA 行列模型にどういった形で拘束をかけることでより現実的な結果が得られるかについて考える必要があることが明らかとなった。これらの研究結果は、ワークショップ「遺伝と数理」や名古屋大学多元数理科学研究科談話会などで講演し、さらに PDB データの解析を進めた段階で論文として発表する予定である。



1 本鎖と 2 本鎖のファットグラフ数の分布

(3) 位相的漸化式とファノ多様体のミラー対称性：

簡略化された RNA 行列模型の漸近解析の方法として位相的漸化式がある。Eynard と Orantin によって提唱された位相的漸化式は、幅広いクラスの行列模型に適用され、理論物理学や幾何学などの様々な分野に素晴らしい結果をもたらしてきた。位相的漸化式の特徴は、行列模型の古典的データとも言える「スペクトル曲線」のシンプレクティックデータを基にして、行列模型の物理量の漸近展開を種数に関する漸化式として系統的に解析できる点にある。

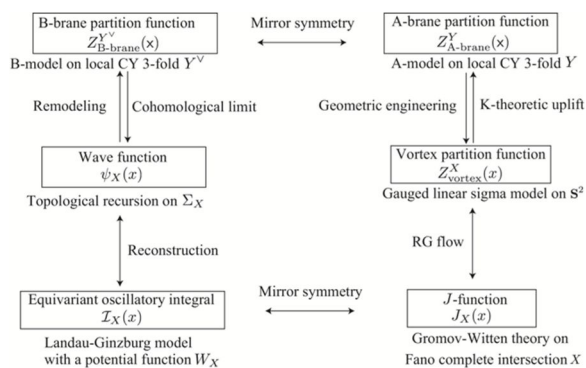
この位相的漸化式から「量子曲線」と呼ばれるスペクトル曲線の量子化に相当する微分方程式が得られ、この微分方程式は行列模型の背後に潜在量子論的構造を反映するものとなっている。

(量子曲線は、量子力学ではシュレディンガー方程式に相当するものであり、系の量子力学的性質を表す基本方程式と解釈される。) 本研究課題採択前の研究では、単純化した RNA 行列模型に対して、量子曲線に相当する微分方程式を求め、それを逐次的に解くことにより、ファットグラフの数を系統的に求める研究を行った。

この解析法をさらに発展させ、論文[2]では、ファノ多様体のミラー対称性の研究に応用する研究を行った。Givental 流のミラー対称性の研究において、量子コホモロジー環は相関関数の間の関係を定める上で最も基本的な関係式となっている。この量子コホモロジー環は「J-関数」と呼ばれるファノ多様体のコホモロジー環に値を持つ関数が満たす微分方程式であり、射影空間やその中の超曲面などに対してはその明確な形が知られている。

物理的対称性を基に、位相的 B 模型の立場から量子コホモロジー環を解釈すると、その微分方程式はまさに量子曲線と同定される。そこで本研究では、射影空間やその中の(特定のクラスの)超曲面に対して、古典的スペクトル曲線から位相的漸化式を通じて(同変)量子コホモロジー環を再構築することに成功した。

こうした量子コホモロジー環自体が再構築であることはすでに 10 年ほど前から指摘されていたが、位相的漸化式の技術の発展と近年のゲージ化された線形シグマ模型(GLSM)の局所化解析の進展が本研究の結果につながったと言える。

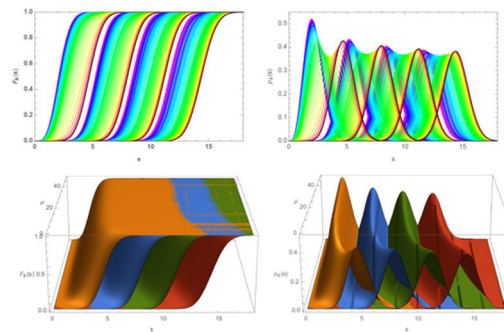


物理的対称性に基づく理論間の関係図

(4) 行列模型を用いた QCD-類似模型の解析：

簡約化された RNA 行列の別の解析法として、直交多項式の方法がある。この手法は行列模型の解析法として古くから知られたものであり、近年においてもその手法は進展を遂げている。特に直交多項式を通じて得られた結果を数値的に求めるには特別な手法が必要となるが、近年はガウス求積法の拡張である Nystroem 型解析法が Bornemann らによって提唱され、数値解析が飛躍的に進展している。

論文[1]では、SU(2)ゲージ群を持った QCD-類似模型の Dirac 演算子の k 次最小固有値分布の解析を行い、格子ゲージ理論に基づく数値シミュレーションの結果との比較を行った。SU(2)ゲージ群を持った QCD-類似模型の Dirac 演算子の固有値分布の様子は、ガウシアン・シンプレクティックアンサンブルを持った行列模型の「Jannosy 密度」と呼ばれる物理量を用いて表される。本研究では、フレーバー数が $N_f=2, 4, 8$ 場合の k 次最小固有値分布 ($k=1, 2, 3, 4$) を数値的に解析し、行列模型のハイブリッド・モンテカルロシミュレーションの結果と比較を行うことで、その正しさを検証すると同時に手法の有用性を示すことができた。



$N_f=8$ の $k=1, 2, 3, 4$ 次最小固有値分布

今後の研究では、本研究で発展させた数値解析手法を RNA 行列模型への拡張を目指したい。

科研費による研究は、研究者の自覚と責任において実施するものです。そのため、研究の実施や研究成果の公表等については、国の要請等に基づくものではなく、その研究成果に関する見解や責任は、研究者個人に帰属されます。

5. 主な発表論文等

〔雑誌論文〕 計9件（うち査読付論文 9件／うち国際共著 1件／うちオープンアクセス 0件）

1. 著者名 Murakami, Hitoshi	4. 巻 257
2. 論文標題 The twisted Reidemeister torsion of an iterated torus knot	5. 発行年 2019年
3. 雑誌名 Topology Appl.	6. 最初と最後の頁 22-66
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.1016/j.topol.2019.02.012	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 -
1. 著者名 Kazuhiro Hikami	4. 巻 15
2. 論文標題 Note on character varieties and cluster algebras	5. 発行年 2019年
3. 雑誌名 Symmetry, Integrability and Geometry: Methods and Applications (SIGMA)	6. 最初と最後の頁 3-35
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.3842/SIGMA.2019.003	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 -
1. 著者名 Ikuo Satake	4. 巻 vol. 56, No.1
2. 論文標題 Frobenius structures and characters of affine Lie algebras	5. 発行年 2019年
3. 雑誌名 Osaka Journal of Mathematics	6. 最初と最後の頁 183-212
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） なし	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 -
1. 著者名 Kalman Tamas and Murakami Hitoshi	4. 巻 8
2. 論文標題 Root polytopes, parking functions, and the HOMFLY polynomial	5. 発行年 2017年
3. 雑誌名 Quantum Topology	6. 最初と最後の頁 205--248
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.4171/QT/89	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 -

1. 著者名 K. Hikami and J. Lovejoy	4. 巻 11
2. 論文標題 Hecke-type formulas for families of unified Witten-Reshetikhin-Turaev invariants	5. 発行年 2017年
3. 雑誌名 Communications in Number Theory and Physics	6. 最初と最後の頁 249--272
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) http://dx.doi.org/10.4310/CNTP.2017.v11.n2.a1	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 該当する

1. 著者名 Kazuhiro Hikami	4. 巻 109
2. 論文標題 DAHA and skein algebra on surface: double-torus knots	5. 発行年 2019年
3. 雑誌名 Letters in Mathematical Physics	6. 最初と最後の頁 2305--2358
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1007/s11005-019-01189-5	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 -

1. 著者名 Hitoshi Murakami	4. 巻 257
2. 論文標題 The twisted Reidemeister torsion of an iterated torus knot	5. 発行年 2019年
3. 雑誌名 Topology and its Applications	6. 最初と最後の頁 22--66
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1016/j.topol.2019.02.012	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 -

1. 著者名 Hiroyuki Fuji, Issaku Kanamori, Shinsuke M. Nishigaki	4. 巻 8
2. 論文標題 Janossy densities for chiral random matrix ensembles and their applications to two-color QCD	5. 発行年 2019年
3. 雑誌名 Journal of High Energy Physics	6. 最初と最後の頁 53
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1007/JHEP08(2019)053	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 -

1. 著者名 Hiroyuki Fuji, Kohei Iwaki, Masahide Manabe, Ikuo Satake	4. 巻 371
2. 論文標題 Reconstructing GKZ via topological recursion	5. 発行年 2019年
3. 雑誌名 Communications in Mathematical Physics	6. 最初と最後の頁 839--920
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1007/s00220-019-03590-6	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 -

[学会発表] 計15件 (うち招待講演 15件 / うち国際学会 8件)

1. 発表者名 Hiroyuki Fuji
2. 発表標題 Reconstructing GKZ via topological recursion
3. 学会等名 KIAS Physics Seminar (招待講演)
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 村上 斉
2. 発表標題 位相的場の理論に由来する3次元多様体の不変量 (MOOとWRT)
3. 学会等名 Summer School 数理物理 2018 (位相的場の量子論) (招待講演)
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 Hitoshi Murakami
2. 発表標題 The volume conjecture for cable knots
3. 学会等名 Volume Conjecture in Tokyo (招待講演) (国際学会)
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 Hitoshi Murakami
2. 発表標題 An Introduction to the Volume Conjecture and its generalizations, I, II, and III
3. 学会等名 Workshop on Volume Conjecture and Related Topics in Knot Theory (招待講演) (国際学会)
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 Hitoshi Murakami
2. 発表標題 Volume conjecture for knots
3. 学会等名 QUANTUM SYMMETRIES AND INTEGRABLE SYSTEMS (招待講演) (国際学会)
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 Kazuhiro Hikami
2. 発表標題 On Kauffman bracket skein algebra and DAHA
3. 学会等名 Volume conjecture in Tokyo (招待講演) (国際学会)
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 Ikuo Satake
2. 発表標題 On the Coxeter transformation for the elliptic affine root system
3. 学会等名 Kobe studio seminar (招待講演)
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 Kazuhiro Hikami
2. 発表標題 Quantum invariants for knots/3-manifolds and modular forms
3. 学会等名 Trends in Modular Forms, NIMS, Daejeon, Korea (招待講演) (国際学会)
4. 発表年 2017年

1. 発表者名 Kazuhiro Hikami
2. 発表標題 Quantum modular forms I, II
3. 学会等名 Indefinite Theta Functions and Applications in Physics & Geometry, Hamilton Mathematics Institute, Trinity College Dublin, Ireland (招待講演) (国際学会)
4. 発表年 2017年

1. 発表者名 Ikuo Satake
2. 発表標題 On the Frobenius structure for the elliptic root system
3. 学会等名 研究集会「不変式・超平面配置と平坦構造」北海道大学数学教室 (招待講演) (国際学会)
4. 発表年 2017年

1. 発表者名 藤 博之
2. 発表標題 Reconstructing GKZ via topological recursion
3. 学会等名 東京大学駒場素粒子論セミナー (招待講演)
4. 発表年 2017年

1. 発表者名 藤 博之
2. 発表標題 ファットグラフによる RNA の擬ノット構造に関するモデル
3. 学会等名 総研大-理研 iTHEMS 連携ワークショップ「遺伝と数理」(招待講演)
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 藤 博之
2. 発表標題 RNA を表現するファットグラフモデルと行列模型
3. 学会等名 名古屋大学多元数理科学研究科談話会(招待講演)
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 Hitoshi Murakami
2. 発表標題 Volume conjecture for knots
3. 学会等名 QUANTUM SYMMETRIES AND INTEGRABLE SYSTEMS (招待講演) (国際学会)
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 Kazuhiro Hikami
2. 発表標題 DAHA and skein algebra of surfaces, Quiver Hecke algebra and its applications to topology
3. 学会等名 RIMS 合宿セミナー, 犬山(招待講演)
4. 発表年 2019年

〔図書〕 計2件

1. 著者名 Murakami, Hitoshi; Yokota, Yoshiyuki	4. 発行年 2018年
2. 出版社 SpringerBriefs in Mathematical Physics, 30. Springer, Singapore	5. 総ページ数 120
3. 書名 Volume conjecture for knots	

1. 著者名 村上 斉	4. 発行年 2019年
2. 出版社 岩波書店	5. 総ページ数 342
3. 書名 結び目理論入門(上)	

〔産業財産権〕

〔その他〕

Centre for Quantum Geometry of Moduli Spaces http://qgm.au.dk/en/ 第40回国セミナー https://sites.google.com/site/shikokuseminar2017/

6. 研究組織

	氏名 (ローマ字氏名) (研究者番号)	所属研究機関・部局・職 (機関番号)	備考
研究 分担 者	樋上 和弘 (Hikami Kazuhiro) (60262151)	九州大学・数理学研究院・准教授 (17102)	

6. 研究組織（つづき）

	氏名 (研究者番号)	所属研究機関・部局・職 (機関番号)	備考
研究 分 担 者	村上 斉 (Murakami Hitoshi) (70192771)	東北大学・情報科学研究科・教授 (11301)	
研究 分 担 者	佐竹 郁夫 (Satake Ikuo) (80243161)	香川大学・教育学部・教授 (16201)	