

科学研究費助成事業 研究成果報告書

平成 28 年 6 月 28 日現在

機関番号：82603
研究種目：新学術領域研究（研究領域提案型）
研究期間：2011～2015
課題番号：23117001
研究課題名（和文）マトリョーシカ型進化原理（総括班）

研究課題名（英文）Matryoshka-type evolution

研究代表者

野崎 智義（Nozaki, Tomoyoshi）

国立感染症研究所・寄生動物部・部長

研究者番号：60198588

交付決定額（研究期間全体）：（直接経費） 174,500,000 円

研究成果の概要（和文）：真核生物の進化、及び、オルガネラ（細胞内小器官）の進化は、生物学の最も重要な基本命題である。一般に葉緑体・ミトコンドリアなどのオルガネラは細菌の内部共生によって生まれ、真核生物に革新的な代謝機能を与えた。本研究は(1)オルガネラ進化につながる一次・二次共生関係を生物界から広く検出し、共生を可能とする仕組みを理解する、(2)進化過程にある共生・寄生オルガネラの機能と維持機構を解明する、(3)「内部共生体に駆動される真核生物進化」という新しいパラダイムを確立する、(4)オルガネラ移植等の細胞工学手法による試験管内生物進化に必要な技術基盤を確立することを目指し研究を展開し成果を生んだ。

研究成果の概要（英文）：Evolution of eukaryotes and organelles is one of the most fundamental topics of biology. Plastids and mitochondria are derived from endosymbiosis between bacteria and ancestral eukaryotes (most likely archaea), and gave significant metabolic advantages to eukaryotes. This study aimed at (1) identification of various primary and secondary (endo)symbiosis in nature and elucidation of shared fundamental mechanisms, (2) elucidation of physiological functions and mechanisms of quality control of such endosymbiosis-derived organelles, (3) establishment of a new paradigm of “endosymbiosis-driven evolution of eukaryotes”, which we named “Matryoshka-type evolution”, and (4) development of synthetic biological methods that allow artificial evolution of cell functions, such as addition of new metabolic functions to organelles and organelle manipulation/transfer.

研究分野：生化学・細胞生物学・感染症・寄生虫学・原生生物学・代謝・小胞輸送・病原機構・創薬

キーワード：進化 共生 寄生 オルガネラ ミトコンドリア 葉緑体

1. 研究開始当初の背景

真核生物の進化、及び、オルガネラ(細胞内小器官)の進化は、生物学の最も重要な基本命題である。一般に葉緑体・ミトコンドリアなど真核生物に固有のオルガネラの進化は、マーギュリスの細胞内共生説(Sagan Theor Biol 14:255,1967)により説明されている。この説では細胞に共生した細菌が宿主に支配され、自身のゲノムを失い「隷属」させられることにより、オルガネラが成立するとされる。しかしながら、原生生物や藻類では、オルガネラが宿主を支配する逆転現象が示されている。また、共生により生まれたオルガネラをもつ生物を、更に「二次的に」取り込むことにより生じる二次共生由来オルガネラ(二次色素体など)が存在する。一部の原生生物では、いわば「入れ子」ともいべき「オルガネラの二重構造」をもった上に、更に、哺乳動物などの真核生物細胞内に寄生している。我々は、この現象をロシアのマトリョーシカ人形に例え、共生・寄生現象によって駆動されるオルガネラ創成と真核生物進化を多層的・空間的に理解することを目指した。

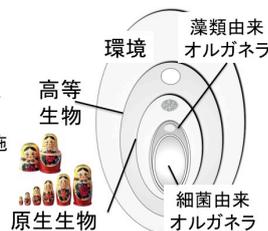
マトリョーシカ型進化原理

領域の目的

- (1) 一次・二次共生関係を生物界から広く検出、共生を可能とする仕組みを理解
- (2) 共生・寄生オルガネラの機能と維持機構を解明
- (3) 「内部共生体」に駆動される真核生物進化」という新しいパラダイムの確立
- (4) 細胞工学手法による試験管内生物進化の技術基盤の確立

総括班の目的

- (1) 班会議：領域の方向性決定
- (2) 研究支援：(メタ)ゲノミクス、タンパク質合成、系統解析、イメージング、バイオリソース)
- (3) シンポ、若手育成セミナーの実施
- (4) 広報・アウトリーチ



2. 研究の目的

本研究では以下の大目的を設定した。

- (1) オルガネラ進化につながる一次・二次共生関係を生物界から広く検出し、共生を可能とする仕組みを理解する
- (2) 進化過程にある共生・寄生オルガネラの機能と維持機構を解明する
- (3) 「内部共生体」に駆動される真核生物進化」という新しいパラダイムを確立する
- (4) オルガネラ移植等の細胞工学手法による試験管内生物進化に必要な技術基盤を確立する

この領域では、更に、これまで融合することの少なかった、生物多様性の解明を目指す原生生物・藻類学、有用生物(系・生態系)の作出を目指す生命・生態系工学、環境生物学、感染症学などの研究領域の融合を図り、共生体やオルガネラが宿主や環境を支配・隷属する寄生現象を観察することによって、真核生物の進化学に新しい視点を与え、新しい生物学領域を創出することを

目的とした。さらに、本研究は、光合成、無機物固定などの機能を付加した新しい有用生物の創成に繋がる技術基盤を提供し、新しい生命・生態系工学領域の創成に貢献することを目指した。

3. 研究の方法

背景で述べた領域の総合的目的達成に向けて、総括班として班全体の統一性を高めるために、以下の活動を予定した。

- (1) 領域班会議：研究領域全体の目標を常に再認識するとともに、研究の進捗に従って整理し直し、克服すべき課題・問題点を領域全体で議論することで、具体的解決策をグループとしてつくることを中心目標に備え、領域班会議を開催する。
- (2) 研究支援活動：ゲノミクス・メタゲノミクス支援、タンパク質合成支援、系統解析支援、イメージング支援、バイオリソース支援の5つの支援体制を構築し、計画研究および公募研究を含めた領域全体の推進を強力に支援する。これらの支援活動は、特に研究体制を構築中の若手研究者への支援環境を提供することとなる。
- (3) シンポジウムの企画・運営：国際シンポジウムを開催し、研究成果の公開を行うとともに、国内外の先端的研究者の本領域への積極的取り組みを図る。また、若手研究者の参加および発表を推進し、国内外の先端的研究へ接する機会を与える。
- (4) 広報・アウトリーチ活動：ホームページおよびニュースレターにより、社会に対して研究成果の積極的公表を行う。また市民セミナーを開催し社会への成果の浸透を積極的に行う。

4. 研究成果

(1) 研究支援の成果

- a. ゲノム・メタゲノム解析支援：領域内で重要研究項目を選定し、これまで5年間に19件を次世代シーケンシング解析支援(総括班予算より)を行った。更に、計画班員黒田らを中心として5件の共同研究を実施。
- b. 画像解析支援：ライブイメージング、電子顕微鏡解析に関して15件の共同研究を支援。
- c. タンパク質合成支援：10件の71種類の組換えタンパク質合成をコムギ胚芽無細胞合成系により支援
- d. 統計・系統解析支援、バイオリソース支援：支援班石田らからA01, B02, B03に自由生活性 *Entamoeba* や *Paulinella chromatophora*, 新奇ストラモノパイル生物, *Acanthamoeba* 等の計10件を供与。計画班稲垣・橋本らを中心に進化系統解析の支援・共同研究20件を行った。

(2) 国際学会の成果

- i. IUMS2011(International Union of Microbiological Societies), Sapporo, 2011.9.6-10 において本領域共催のワークシ

ヨップを開催した。以下セッション名”Diversification and Evolution of Protozoan Organelles”(野崎), ”Biology of Malaria”(金子), ”Unique Metabolic Pathway of Parasites”(永宗), ”Legionella”(永井)。(参加者数約 160 名)

ii. Nagasaki Symposium on Malaria Biology 2011, Nagasaki, 2011.11.16-17 において本領域共催のワークショップを開催した。(参加者数 51 名)

iii. Protist2012(国際進化原生生物学会と国際原生生物学会共催による国際会議), 2012.7.29-8.3, Oslo にて領域主催したシンポジウム”Matryoshka-type evolution of cells”を開催した。(参加者数 150 名)

iv. 国際シンポジウム”Matryoshka-type Evolution of Eukaryotic Cells”, 第 2 回マトリョーシカ型生物学会研究会(マトリョーシカ生物の世界 2013), 2013.7.24-26, (京都) を開催。(参加者数 124 名)

v. XIV International Congress of Protistology, 2013.7.28-8.2, Vancouver にてシンポジウム”Organelles and Endosymbionts”を企画・共催。(参加者数約 250 名)

vi. 12th Awaji International Forum on Infection and Immunity, 2013.9.10-13, Awaji にてセッション”Evolution of Organelles”を共催。(参加者数約 150 名)

vii. 第 2 回国際シンポジウム”Matryoshka-type Evolution of Eukaryotic Cells”, 第 4 回マトリョーシカ型生物学会研究会, H27.9.30-10.2, (つくば) を主催(参加者数約 120 名)。

viii. The 13th International Colloquium on Endocytobiology and Symbiosis, H28.9.11-14, Kyoto (予定)

(3) 国内学会の成果
第 34 回日本分子生物学会(H23.12.13-16, 横浜)、第 76 回日本植物学会大会(H24.9.15-17, 姫路)、日本進化学会(H25.8.28-30, つくば)、第 36 回日本分子生物学会(H25.12.3-6, 神戸)などの学会等にてシンポジウム・ワークショップを 21 件主催・共催した。

(4) アウトリーチ活動
総括班、計画班、公募班をあわせて、サイエンスカフェ 28 件、一般向け講演 17 件、その他のイベント 34 件を開催し、一般への研究活動内容の周知および当領域関連分野への新たな学生の参入を促進した。また、領域の研究成果をわかりやすくまとめた一般向け書籍の発刊準備を行っている。
当領域で行った主なアウトリーチ活動の概要は以下の通りである。

i. 本領域の研究を双方向コミュニケーションによって一般にアウトリーチする公式サイエンスカフェ「マトリョーシカカフェ」シリーズを開催した。研究期間中を通じて全 15 回に渡り各地で実施。研究者と参加者の物理的距離を近くした実施形式を重んじ、1 回当たり 15 名前後の小規模型サイエンスカフェとして、のべ参加人数およそ 250 名程度を記

録し好評を博している。研究者と一般の方々との間の双方向コミュニケーションを目指したユニークな形式を採用し、サイエンスコミュニケーション分野でも話題になった。領域終了後も継続予定。概要は以下の通り。

「マトリョーシカカフェ」1～15 (H25.3.29-H27.9.12) にかけて、計 15 回、東京・京都・大阪・長崎など) 表題例 (担当者) 「マトリョーシカ生物の物語」守屋繁春; 「クロレラと生きる動物たち」洲崎敏伸; 「プレデター vs マトリョーシカ 弱肉強食から共生へ」早川昌志; 「マトリョーシカ生物のカラクリ工作」原清敬; 「ばいきんまんの毒針」永井宏樹; 「赤血球をイボイボするマトリョーシカ生物」金子修; 「貝の中で暮らすマトリョーシカ」松崎素道; 自作スマホ顕微鏡で”微生物”を撮ろう-マトリョーシカ生物の不思議- 早川昌志; 植物細胞から探る現在進行形のマトリョーシカ型進化 -未来のミドリムシは何色?- 野崎久義 (各回ともにファシリテーター: 木原久美子)

ii. つくば科学フェスティバル「生物ひろば」, H23.11.12-13 及び H24.11.17-18, 二次共生により葉緑体を獲得した生物等の展示。来訪者 200 人。ブース”マトリョーシカ型生物ってなに?”を開催。ブースではクイズ形式で参加者に「マトリョーシカ生物」を紹介し。来訪者 300 名以上。二次共生により葉緑体を獲得した生物等の展示

iii. サイエンス・カフェ「藻類から探る進化の謎」H24.9.2, 喫茶店 lamp (池袋) 主催: 早稲田大学政治学研究科ジャーナリズムコース・サイエンスカフェ実行委員会

iv. サイエンスカフェ「あなたの知らない寄生虫のセカイ〜トキノ、マラリア、マトリョーシカ〜」第 63 回バイオ e カフェ H24.9、つくばを開催。

v. 日本原生動物学会主催の「原生動物フェスティバル」, 2012.11.23 を共催 (一般公開・参加費無料)。

vi. 細胞工学 32 巻「オモロいのは名前だけじゃない! ~マトリョーシカ型進化原理~」(p 226-231, H25) により領域活動の報告。

vii. サイエンスカフェ「シロアリはマトリョーシカ! ?」(東工大・大岡山), H25.2.27 を開催。

viii. H25.8.25「平成 25 年度ひらめき☆ときめきサイエンス」を神戸大学にて実施。

ix. H25.6.30, H26.6.22, H27.6.6-7 日本ミクロ生物研究会主催の「原生動物フェスティバル 2013」(大阪・奈良・京都) を共催 (一般公開・参加費無料)。

x. H23-27 年度にマトリョーシカ型生物 (ミドリゾウリムシ・ミドリマヨレラ・ミドリヒドラなど) を神戸大学より全国の分譲希望者 340 名 (延べ) に配布した。

(5) 領域ホームページ

<http://www.matryoshka-evolution.jp/> の URL を開設し、情報発信を行っている。

(6) ニュースレター

これまで7号を刊行した。H28年度以降も発行を続ける予定である。

5. 主な発表論文等

(研究代表者、研究分担者及び連携研究者には下線)

以下に記載した主なもののみの総数

[雑誌論文] (計 36 件)

A01 細菌の原虫・哺乳動物宿主に対する寄生・共生の分子基盤

1. ▲Kubori T, *Nagai H. The Type IVB secretion system: an enigmatic chimera. *Curr Opin Microbiol* 29, 22-29 (2016)
2. ▲Minegishi K, Watanabe T, Furukawa A, Uchida K, Suzuki Y, Akashi T, *Maruyama F, Nakagawa I, Eishi Y. Genetic profiles of *Propionibacterium acnes* and identification of a unique transposon with novel insertion sequences in sarcoid and non-sarcoid isolates. *Sci Rep* 12, 9832 (2015)
3. ▲Kubori T, Koike M, Bui XT, Higaki S, Aizawa SI, *Nagai H. Native structure of a type IV secretion system core complex essential for *Legionellapathogenesis*. *Proc Natl Acad Sci U S A* 111, 11804-11809 (2014)
4. ▲Ishida K, Sekizuka T, Hayashida K, Matsuo J, Takeuchi F, Kuroda M, Nakamura S, Yamazaki T, Yoshida M, Takahashi K, Nagai H, Sugimoto C, Yamaguchi H. Amoebal endosymbiont *Neochlamydia* genome sequence illuminates the bacterial role in the defense of the host amoebae against *Legionella pneumophila*. *PLoS One* 9, e95166 (2014).

A02 先端ゲノム・トランスクリプトーム解析技術を用いた環境微生物の共生原理の解明

1. ▲Yuki M, Kuwahara H, Shintani M, Izawa K, Sato D, Starns D, Hongoh Y, *Ohkuma M. Dominant ectosymbiotic bacteria of cellulolytic protists in the termite gut also have the potential to digest lignocellulose. *Environ. Microbiol.* 17: 4942-4953 (2015).
2. ▲*Ohkuma M, Noda S, Hattori S, Iida T, Yuki M, Starns D, Inoue J, Darby AC, Hongoh Y. 2015. Acetogenesis from H₂ plus CO₂ and nitrogen fixation by an endosymbiotic spirochete of a termite-gut cellulolytic protist. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 112: 10224-10230 (2015).
3. ▲Tokuda G, Tsuboi Y, Kihara K, Saitou S, Moriya S, Lo N, *Kikuchi J. Metabolomic profiling of 13C-labelled cellulose digestion in a lower termite: insights into gut symbiont function. *Proc Biol Sci*. 281, 20140990 (2014).
4. ▲Sato T., Kuwahara H, Fujita K, Noda S, Kihara K, Yamada A, Ohkuma M, *Hongoh Y. Intranuclear verrucomicrobial symbionts

and evidence of lateral gene transfer to the host protist in the termite gut. *ISME J* 8: 1008-1019 (2014).

B01 二次共生における共生藻のオルガネラ化過程の解明

1. ▲Goodman CD, Siregar JE, Mollard V, Vega-Rodriguez J, Syafruddin D, Matsuoka H, Matsuzaki M, Toyama T, Sturm A, Cozijnsen A, Jacobs-Lorena M, Kita K, Marzuki S, McFadden GI. Parasites resistant to the antimalarial atovaquone fail to transmit by mosquitoes. *Science* 352, 349-353 (2016).
2. ▲Suzuki S, Shirato S, Hirakawa Y, Ishida K. Nucleomorph genome sequences of two chlorarachniophytes, *Amorphochlora amoebiformis* and *Lotharella vacuolata*. *Genome Biol Evol* 7,15336-1545 (2015)
3. ▲Hirakawa Y, Suzuki S, Archibald JM, Keeling PJ, Ishida K. Overexpression of molecular chaperone genes in nucleomorph genomes. *Mol Biol Evol* 31, 1437-1443 (2014).
4. Hirakawa Y. (著者73人中10番目), Ishida K (同35番目) et al. Algal nuclear genomes reveal evolutionary mosaicism and fate of nucleomorphs. *Nature* 492, 59-65 (2012).
5. Kashiyama Y, Yokoyama A, Kinoshita Y, Shoji S, Miyashiyama H, Shiratori T, Suga H, Ishikawa K, Ishikawa A, Inouye I, Ishida K, Fujinuma D, Aoki K, Kobayashi M, Nomoto S, Mizoguchi T, Tamiaki H. Feature Article: Ubiquity and quantitative significance of detoxification catabolism of chlorophyll associated with protistan herbivory. *Proc Natl Acad Sci U S A* 109, 17328-17335 (2012).

B02 ミトコンドリアの進化の多様性

1. ▲Tanifuji G, Archibald JM, Hashimoto T. Comparative genomics of mitochondria in chlorarachniophyte algae: endosymbiotic gene transfer and organellar genome dynamics. *Sci Rep* 6, 21016 (2016)
2. ▲Mi-ichi E, Miyamoto T, Takao S, Jeelani G, Hashimoto T, Hara H, *Nozaki T, Yoshida H. Entamoeba mitosomes play an important role in encystation by association with cholesteryl sulfate synthesis. *Proc Natl Acad Sci U S A* 112, E2884-E2890 (2015).
3. ©▲Santos HJ, Imai K, Makiuchi T, Tomii K, Horton P, Nozawa A, Ibrahim M, Tozawa Y, *Nozaki T. A novel Mitosomal beta-barrel Outer Membrane Protein in Entamoeba. *Sci Rep* 5, 8545 (2015).
4. ▲Jeelani G, *Nozaki T. Metabolomic analysis of Entamoeba: applications and implications. *Curr Opin Microbiol* 20, 118-124 (2014)
5. ▲Makiuchi T, Mi-ichi E, Nakada-Tsukui K, *Nozaki T. Novel TPR-containing subunit of

- TOM complex functions as cytosolic receptor for *Entamoeba* mitochondrial transport. *Sci Rep* 3, 1129 (2013).
- ▲Mi-ichi E, Makiuchi T, Furukawa A, Sato D, *Nozaki T. Sulfate activation in mitochondria plays an important role in the proliferation of *Entamoeba histolytica*. *PLoS Negl Trop Dis* 5, e1263 (2011).
- B03 ミトコンドリア・色素体以外の共生オルガネラ成立過程の解明
- ▲Kamikawa R, Tanifuji G, Ishikawa SA, Onodera NT, Ishida K, Hashimoto T, Miyashita H, Mayama S, Inagaki Y. Proposal of a Twin-arginine translocator system-mediated constraint against loss of ATP synthase genes from nonphotosynthetic plastid genomes. *Mol. Biol. Evol.* 32(10):2598-2604 (2015).
 - ▲*Kamikawa R, Tanifuji G, Kawachi M, Miyashita H, Hashimoto T, Inagaki Y. Plastid genome-based phylogeny pinpointed the origin of the green-colored plastid in the dinoflagellate *Lepidodinium chlorophorum*. *Genome Biol Evol* 7, 1133-1144 (2015)
 - ▲Nakayama T*, Kamiawa R, Tanifuji G, Kashiwama Y, Ohkouchi N, Archibald JM, Inagaki Y. Complete genome of a nonphotosynthetic cyanobacterium in a diatom reveals recent adaptations to an intercellular lifestyle. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 111, 11407-11412 (2015).
 - ▲*Yabuki A, Kamikawa R, Ishikawa SA, Kolisko M, Kim E, Tanabe AS, Kume K, Ishida K, Inagaki Y. *Palpitomonas bilix* represents a basal cryptist lineage: insight into the character evolution in Cryptista. *Sci Rep* 4, 4641 (2014).
 - ▲*Kamikawa R, Kolisko M, Nishimura Y, Yabuki A, Brown MW, Ishikawa SA, Ishida K, Roger AJ, Hashimoto T, Inagaki Y. Parallel re-modeling of EF-1 α function in eukaryotic evolution: Divergent, low-expressed EF-1 α genes co-occur with EFL genes in diverse distantly related eukaryotes. *BMC Evol Biol* 13, 131 (2013).
- 研究項目 C 計画研究
- C01 植物由来共生オルガネラの宿主隷属化機構
- ▲Ybanez RH, Leesombun A, Nishimura M, Matsubara R, Kojima M, Sakakibara H, Nagamune K, *Nishikawa Y. In vitro and in vivo effects of the phytohormone inhibitor fluridone against *Neospora caninum* infection. *Parasitol Int* 65, 319-322 (2016)
 - ▲Inomata A, Murakoshi F, Ishiwa A, Takano R, Takemae H, Sugi T, Cagayat Recuenco F, Horimoto T, *Kato K. Heparin interacts with elongation factor 1 α of *Cryptosporidium parvum* and inhibits invasion. *Sci Rep* 5, 11599 (2015)
- ▲Matsubara R, Aonuma H, Kojima M, Tahara M, Andrabi SB, Sakakibara H, *Nagamune K. Plant Hormone Salicylic Acid Produced by a Malaria Parasite Controls Host Immunity and Cerebral Malaria Outcome. *PLoS One* 10, e0140559 (2015).
 - *Toyama T, Tahara M, Nagamune K, Arimitsu K, Hamashima Y, Palacpac NM, Kawaide H, Horii T, Tanabe K. Gibberellin biosynthetic inhibitors make human malaria parasite *Plasmodium falciparum* cells swell and rupture to death. *PLoS One* 7, e32246 (2012).
- C02 共生非依存的に進化したオルガネラによるマトリョーシカ化機構
- ▲Pandey K, Ferreira PE, Ishikawa T, Nagai T, *Kaneko O, *Yahata K. Ca(2+) monitoring in *Plasmodium falciparum* using the yellowameleon-Nano biosensor. *Sci Rep* 6, 23454 (2016).
 - ▲Templeton TJ, Asada M, Jiratanh M, Ishikawa SA, Tiawsirisup S, Sivakumar T, Namangala B, Takeda M, Mohkaew K, Ngamjituea S, Inoue N, Sugimoto C, Inagaki Y, Suzuki Y, Yokoyama N, Kaewthamasorn M, *Kaneko O. Ungulate malaria parasites. *Sci Rep* 6, 23230 (2016).
 - ▲Wang B, Lu F, Cheng Y, Chen JH, Jeon HY, Ha KS, Cao J, Nyunt MH, Han JH, Lee SK, Kyaw MP, Sattabongkot J, Takashima E, *Tsuboi T, Han ET. Immunoprofiling of the tryptophan-rich antigen family in *Plasmodium vivax*. *Infect Immun* 83, 3083-3095 (2015).
 - ▲Ito D, Hasegawa T, Miura K, Yamasaki T, Arumugam TU, Thongkuiatkul A, Takeo S, Takashima E, Sattabongkot J, Han ET, Long CA, Torii M, *Tsuboi T. RALP1 is a rhoptry neck erythrocyte-binding protein of *Plasmodium falciparum* merozoites and a potential blood-stage vaccine candidate antigen. *Infect Immun* 81, 4290-4298 (2013).
- C03 オルガネラの人工修飾と創成の技術基盤
- ▲*Tachibana H, Yanagi T, Feng M, Bandara KB, Kobayashi S, Cheng X, Hirayama K, Rajapakse RP. Isolation and Molecular Characterization of *Entamoeba nuttalli* Strains Showing Novel Isoenzyme Patterns from Wild Toque Macaques in Sri Lanka. *J Eukaryot Microbiol* 63, 171-180 (2016).
 - ▲Deng Y, Ran W, Man S, Li X, Gao H, Tang W, *Tachibana H, Cheng X. Artemether Exhibits Amoebicidal Activity against *Acanthamoeba castellanii* through Inhibition of the Serine Biosynthesis Pathway. *Antimicrob Agents Chemother* 59, 4680-4688 (2015).

3. ▲*Tachibana H, Yanagi T, Lama C, Pandey K, Feng M, Kobayashi S, Sherchand JB. Prevalence of *Entamoeba nuttalli* infection in wild rhesus macaques in Nepal and characterization of the parasite isolates. *Parasitol Int* 62, 230-235 (2013).
4. ▲Song C, *Suzaki T. Improved preservation of organelles in *Paramecium bursaria* by freeze-substitution with glutaraldehyde and osmium tetroxide. *J Electr Microsc Tech Med Biol* 27, 1-8 (2013)

[産業財産権]

○出願状況 (計 3 件)

1. 名称: アカントアメーバ(・シスト)の生死判別方法

発明者: 洲崎敏伸・早川昌志

権利者: 株式会社エイコー・国立大学法人神戸大学

種類: 特許 番号: 特開 2015-52505

出願年月日: 2013 年(平成 25 年) 9 月 6 日

国内外の別: 国内

2. 名称: セシウム汚染土壌粒子を含む土壌または水系の処理方法

発明者: 洲崎敏伸・吉村知里

権利者: 国立大学法人神戸大学・ADEKA 総合設備株式会社・株式会社アイ・エス・ソリューション

種類: 特許 番号: 特開 2014-100619

出願年月日: 2013 年(平成 25 年) 9 月 6 日

国内外の別: 国内

3. 名称: 光駆動高エネルギーサッカロミセス亜門酵母の作製法

発明者: 原 清敬、叶 暁亭、近藤 昭彦

権利者: 神戸大学 (J S T)

種類: PCT 出願 番号: PCT/JP2015/62494

出願年月日: 2015 年(平成 27 年) 4 月 24 日

国内外の別: 国内

○取得状況 (計 1 件)

名称: 水質検査装置および方法

発明者: 洲崎敏伸・吉村知里・大村現

権利者: 国立大学法人神戸大学

種類: 特許

番号: 特許 5017647

取得年月日: 2012 年(平成 24 年) 6 月 22 日

国内外の別: 国内

[その他]

ホームページ

<http://www.matryoshka-evolution.jp/>

6. 研究組織

(1) 研究代表者

野崎 智義 (NOZAKI, Tomoyoshi)

国立感染症研究所・寄生動物部・部長

研究者番号: 60198588

(2) 研究分担者

洲崎 敏伸 (SUZAKI, Toshinobu)

神戸大学・理学研究科・准教授

研究者番号: 00187692

坪井 敏文 (TSUBOI, Takafumi)

愛媛大学・プロテオサイエンスセンター

・教授

研究者番号: 00188616

守屋 繁春 (MORIYA, Shigeharu)

国立研究開発法人理化学研究所

・主任研究員研究室等・専任研究員

研究者番号: 00321828

津久井 久美子 (TSUKUI, Kumiko)

国立感染症研究所・寄生動物部

・主任研究員

研究者番号: 00420092

松崎 素道 (MATSUZAKI, Motomichi)

東京大学・大学院医学系研究科(医学部)

・助教

研究者番号: 00511396

橋 裕司 (TACHIBANA, Hiroshi)

東海大学・医学部・教授

研究者番号: 10147168

石田 健一郎 (ISHIDA, Kenichiro)

筑波大学・生命環境系・教授

研究者番号: 30282198

小保方 潤一 (OBOKATA, Junichi)

京都府立大学・生命環境科学研究科・教授

研究者番号: 50185667

橋本 哲男 (HASHIMOTO, Tetsuo)

筑波大学・生命環境系・教授

研究者番号: 50208451

金子 修 (KANEKO, Osamu)

長崎大学・熱帯医学研究所・教授

研究者番号: 50325370

稲垣 祐司 (INAGAKI, Yuji)

筑波大学・生命環境系・准教授

研究者番号: 50387958

井上 勲 (INOUE, Isao)

筑波大学・生命環境系・教授

研究者番号: 70168433

永井 宏樹 (NAGAI, Hiroki)

大阪大学・微生物病研究所・准教授

研究者番号: 80222173

黒田 誠 (KURODA, Makoto)

国立感染症研究所・病原体ゲノム解析

研究センター・センター長

研究者番号: 80317411

永宗 喜三郎 (NAGAMUNE, Kisaburo)

国立感染症研究所・寄生動物部・室長

研究者番号: 90314418