

令和 6 年 5 月 31 日現在

機関番号：12601

研究種目：基盤研究(A)（一般）

研究期間：2020～2023

課題番号：20H00427

研究課題名（和文）魚から探る脊椎動物の老いと死の多様性形成のメカニズム

研究課題名（英文）Using fish as a model to explore the mechanisms of aging and lifespan diversity in vertebrates

研究代表者

木下 滋晴（Kinoshita, Shigeharu）

東京大学・大学院農学生命科学研究科（農学部）・准教授

研究者番号：40401179

交付決定額（研究期間全体）：（直接経費） 34,500,000円

研究成果の概要（和文）：魚類の示す老化や寿命の多様性に着目し、短命魚や長命魚のゲノム解析から、寿命の長短に関連する可能性のある様々な遺伝子を探索した。魚類の筋肉の抗老化特性に関連する転写因子群を明らかにし、哺乳類との比較から、魚類の特有の終生的な筋成長に、これら遺伝子の働きが寄与する可能性を示した。また、短命種のアユが示す繁殖後の斃死時には、哺乳類の老化過程と類似の現象が起きていること示し、本種が新しい寿命解析モデルとして高いポテンシャルを持つことを示した。さらに400歳近い個体が報告されるニシオンデンザメのゲノムを初めて明らかにし、寿命関連遺伝子の特徴を明らかにした。

研究成果の学術的意義や社会的意義

魚類の示す老化や寿命の多様性は脊椎動物の寿命や老化を理解する上で興味深い。これまで魚自身の老化や寿命特性に着目した研究は少なかった。本申請課題では、魚の抗老化特性を解析すると共に、短命魚や長命魚のゲノム解析から、寿命の長短に関連する可能性のある様々な遺伝子を探索した。特に400歳近い個体が報告されるニシオンデンザメのゲノムは初の報告となる。本研究で得られた成果は、脊椎動物の多様な老化・寿命特性の遺伝的基盤を理解する上で重要かつ極めてユニークな知見を提示し、今後の老化・寿命研究に資するものである。

研究成果の概要（英文）：Focusing on the diversity in aging exhibited by fish, we searched for various genes that may be associated with longer and shorter life spans based on genome analysis. We identified a group of transcription factors associated with the anti-aging properties of fish muscle, and compared them with those of mammals, and showed that the function of these genes may contribute to the unique lifetime muscle growth of fish. In addition, we showed that the post-breeding mortality of ayu, a short-lived species, is similar to that of mammals, indicating that this species has high potential as a new model for aging analysis. Furthermore, the genome of the Greenland shark, which has been reported to be nearly 400 years old, was clarified for the first time, and the characteristics of life span-related genes were elucidated. These results provide important and unique insights into the genetic basis of the diverse aging and lifespan characteristics of vertebrates.

研究分野：水圏生物学

キーワード：寿命 老化 ゲノム 魚 ゼブラフィッシュ アユ ニシオンデンザメ

## 1. 研究開始当初の背景

動物の老化の進行や寿命の長さは種によって大きく異なる。長く生きる種と短い寿命の種の違いは何なのだろうか。成長が止まり、組織の可塑性や機能が失われていくことは老化の特徴だが、魚は死ぬまで成長を続ける、いわゆる「終生成長」をすることが知られる。筋肉は脊椎動物の体の大部を占める組織だが、魚では筋線維の数が死ぬまで増え続け、成長に限界がない。また、成体でも心臓が再生し、腎臓のネフロンが生涯再生し続けるなど、様々な組織の再生能力も高く保たれる。2016年には392歳のニシオンデンザメが Science 誌に報告されたが、その他にも205歳のロックフィッシュ、120歳を超えるチョウザメ等、ヒトの最大寿命を軽く超える超長寿命の魚が多く知られる。こうした魚の抗老化特性は不顕老化(negligible senescence)とも称され、超長寿命種についてはそもそも寿命が定まっていないのではという議論すらある。さらに、研究用に飼育・繁殖できる脊椎動物で最も短寿命なものも魚である。ターコイズキリフィッシュは、数か月で寿命を迎えて死ぬ。また、生涯に一回だけ産卵するアユのように、産卵後急激に衰弱し死に至る種もある。魚の示すこうした老化・寿命の多様性は、脊椎動物の老化や寿命がどのように決まるかを検討する上で魅力的だが、魚自身の老化・寿命特性に着目した研究はまだ少ない。

寿命や老化の研究は、線虫、ショウジョウバエ、マウス、ラットといった、少数のモデル生物を中心に行われてきたが、近年次世代シーケンサが発展し、非モデル生物の中から特徴的な老化や寿命の特性を持つもののゲノムが解析されるようになってきた。ここの様々な魚を加えることで、より幅広いユニークな老化・寿命特性を解析できる。さらに、筆者が期待するのは、未知の老化・寿命制御のメカニズムを見出すことである。老化や寿命を無視したかのような超長寿命、正常にみえる個体が産卵をきっかけに短期間で死に至る寿命スイッチなど、これらでは、既報の老化・寿命制御メカニズムとは異なる独自のシステムが動いているかもしれない。魚から明らかにされる老化・寿命制御システムは、生物全般の老化と寿命を考える重要なピースとなる可能性がある。

## 2. 研究の目的

上述の背景から立案した本研究の学術的問いは、「種によって大きく異なる老化・寿命の違いはどのような遺伝的基盤で成り立っているのか？」である。この問いは、なぜわれわれは老いて死ぬのか？という素朴な疑問を出発点にしており、寿命が数か月から数百年と幅広く、老化の進行も多様な魚を対象とすることで、この問いに関する、少数のモデル生物中心のこれまでの解析とは異なる、新たな切り口から老化や寿命の多様性を解析することを目的とした。

## 3. 研究の方法

### (1) 成長・老化に伴う包括的遺伝子発現情報の取得

既に取得しているゼブラフィッシュの加齢に伴う包括的遺伝子発現情報を使用した。アユについては、群馬県水産試験場で維持している遺伝的に均一な純系に近い群馬系統を用いた。群馬系はほぼ同時期に成熟し、産卵後おおそ2か月で死ぬ。群馬系を一定環境で成熟・産卵させ、死ぬまでの間、定期的に雌雄5個体以上から各組織を採取しRNAs-seqを行った。また、ニシオンデンザメについては、天然個体を捕獲し皮膚や血液の一部をDNA抽出用に採取するが、その際、同組織からRNAも採取し、RNAs-seqを行った。これらRNA-seqデータを用いて比較解析を行い、成長段階や老化段階別に発現変動遺伝子を抽出し、各種エンリッチメント解析から、特徴的な老化・寿命パターンと連動してどのような遺伝子カスケードが変化しているかを検討した。また、アユについては、繁殖後の急速な寿命死に関して、血中の老化関連分子であるNADの血中レベルの変化を測定した。

### (2) 魚の筋肉の抗老化特性の解析

魚の抗老化特性としてわれわれが以前から着目してきたのが筋肉の抗老化である。哺乳類において筋肉は老化と密接に関連し、加齢性の筋萎縮はマイオカインなどと連動して全身的な老化を引き起こすが、魚は筋肉が終生的に成長し、老化が著しく抑制されている。筋肉の終生成長に着目し、ゼブラフィッシュを対象に、船長段階別に筋肉組織の一細胞RNA-seqを行った。また、成魚と稚魚の体幹部骨格筋の切片を用いて、VISIUMによる空間的トランスクリプトミクスを行った。これら解析を組み合わせて、筋肉の終生成長時に働く遺伝子を探索すると共に、その部位特性を検討した。

### (3) モデル魚を用いた老化・寿命特性に関連する遺伝子の機能解析

既報の寿命・老化関連遺伝子であるGHやIGF-1の過剰発現ゼブラフィッシュを作成した。また、魚類特異な筋成長に関連する遺伝子として着目したAP-1転写因子群のうち、ATF3遺伝子についてゼブラフィッシュを用いて、過剰発現個体やゲノム編集で遺伝子をノックアウトした魚を作成した。これらについて、成長段階別のRNA-seqを行う共に、成長や寿命への影響を、SAガラクトシダーゼ等の加齢マーカーや野生型個体の老齢魚の遺伝子発現情報等との比較が

ら評価した。

#### (4) 超長命魚と短命魚のゲノム解析

超長命魚として、ニシオンデンザメ（動物界の最長命種の一つ）とオンデンザメ（ニシオンデンザメの近縁種。日本近海で捕獲できる）を用いた。ニシオンデンザメについては、ノルウェーのスパールバル諸島近海で捕獲された野生個体を用い、血液の鱭の一部を採取してDNA抽出およびRNA抽出に用いた。またこうした野生個体は新鮮な組織を採取するのが難しい場合が多いため、オンデンザメについてはホルマリン標本から組織を採取し、ロングリードシーケンスに用いることのできる分子サイズの大きいDNAの抽出を試みた。

DNAシーケンシングではロングリードの配列情報を取得すると共に、HiC法による染色体レベルのアセンブリを行った。また、近縁種の遺伝子情報やトランスクリプトームデータと組み合わせ、遺伝子予測を行い、特定の遺伝子セットの重複や欠損について検討すると共に、オーソログ遺伝子群を用いた比較ゲノム解析を行い、特定の遺伝子における正の選択、負の選択圧の緩みといった特徴的進化を検討した。

## 4. 研究成果

### (1) 魚の筋肉の抗老化特性の遺伝的基盤

筋肉の成長は筋線維数の増加と筋線維の肥大に依るが、哺乳類では出生後の筋線維数はほぼ一定で、加齢によって筋線維数は減少し筋力が落ちる現象はサルコペニアとして知られる。それに対し、魚の筋肉は出生後も筋線維数が増え続け、それが生涯続くという特異な性質を示す。ここではゼブラフィッシュを解析対象として用いた。ゼブラフィッシュは体長5 cm程度の小型熱帯魚で寿命は3年程度であるが、筋肉の終生的成長や成体での心臓の再生など、魚類特異な抗老化特性も維持されている。

ゼブラフィッシュの加齢段階別のRNA-seqデータをラットの同様のデータと比較解析した結果、ATF3遺伝子の発現がゼブラフィッシュでは加齢個体の筋肉で増加しており、ラットでは逆に減少していた。ATF3はAP-1転写因子群の一つで、ホモダイマーあるいは他のAP-1ファミリーの転写因子とヘテロダイマーを形成してターゲットの遺伝子の発現を制御する。マウスでは加齢個体でAP-1転写因子群の活性が低下し、カロリー制限によって老化を抑制した個体ではAP-1転写因子群の活性が回復することが報告されている。ゼブラフィッシュのATF3以外のAP-1転写因子群についても、それらの遺伝子発現を調べた結果、AP-1転写因子群の発現全体がゼブラフィッシュ加齢個体では増加しており（図1）、AP-1転写因子の結合部位を持つ遺伝子の発現も加齢個体の筋肉で増加することが示された。

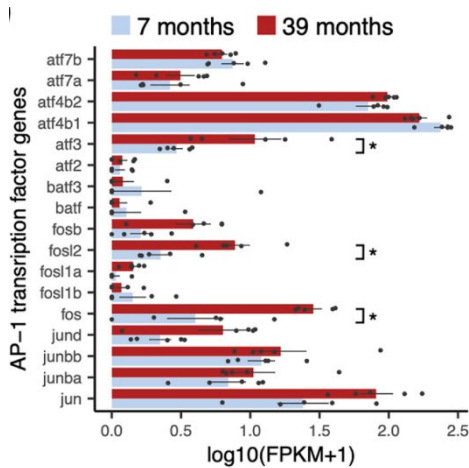


図 1. ゼブラフィッシュの加齢個体の筋肉における AP-1 転写因子群の発現変化。ATF3 を含む複数の AP-1 転写因子の発現が上昇している。

さらに、ゼブラフィッシュの6日齢、2か月齢、一年齢における筋肉のシングルセルRNA-seqを行った。UMAPによるクラスタリングによって、速筋細胞、遅筋細胞等の筋細胞を含むクラスターを得た。ここにおいて、AP-1転写因子群を高発現する細胞群は特定のクラスターを形成しており、その細胞群の比率が成長と共に増大することが示された。さらに成魚と稚魚の骨格筋切片を用いた空間的トランスクリプトミクスでは、成魚筋肉の特定の位置に新生筋線維形成のマーカー遺伝子の発現が偏在することが示された。以上のことから、ゼブラフィッシュの老齢個体でのAP-1転写因子群の発現増大はAP-1転写因子群を発現する細胞数の増加であることが示唆された。われわれの先行研究で、ゼブラフィッシュの出生後の新生筋線維形成においては、NFAT転写因子が寄与することが示されているが、NFATとAP-1転写因子は協働してターゲット遺伝子の発現を誘導することも報告されている。したがって、AP-1転写因子群は魚の終生的な筋成長に関わる重要な因子として注目される。

そこで、ゲノム編集でATF3遺伝子のノックアウトをゼブラフィッシュで作成し、ATF3の機能障害が筋肉に与える影響を検討した。ノックアウト個体は発生初期に一過的に心臓の形態に異常を示すが、その後は正常に成長し、野生型と比較して4ヶ月齢までの生残や成長に差はなかった。しかしながら筋線維の大きさが野生型に比べて小さくなっており、筋過形成と筋肥大の balan

スが変化していることが考えられた。RNA-seqの結果、筋肉において細胞増殖やDNA複製に関連するカスケードが低下し、ロックアウト個体の筋肉の遺伝子発現パターンに老齢個体の遺伝子発現パターンとの類似がみられことから、魚類筋肉の成長や老化特性にATF3を含むAP-1転写因子群が寄与する可能性が改めて示された。

GHやIGF-1の過剰発現個体をゼブラフィッシュで作出したところ、タンパク質合成が活発になる一方、タンパク質の分解は抑制され、細胞の肥大が亢進した。しかしながら、異常タンパク質の蓄積が増え、細胞死の増加や幹細胞の数の減少などがみられ、SA-gal染色により老化が進行していることが示された。終生的な成長は魚類の抗老化の基盤と考えられるが、過剰な成長促進は魚類においても老化を促進することから、緩やかな成長が継続することが抗老化においては必要なことが考えられた。

## (2) 短寿命魚としてのアユの寿命特性と繁殖後の筋萎縮における AP-1 転写因子群の発現

アユは寿命が一年の年魚である。秋に川で孵化した稚魚が海に降り、翌年の初夏に再び川に戻ってきて成熟、産卵するが、産卵後一斉かつ急激に衰弱し寿命を迎えるという特異な老化・寿命特性を示す。こうした特性はサケなどの魚にもみられるが、それらも含め、その遺伝的メカニズムは不明である。ここでは群馬県水産試験場で維持されている群馬系アユを用いて、産卵・放精後のアユを定期的に採集したが、2か月で急速に体重が減少し100匹以上いた群れが全滅した。こうした寿命の様式においては、性成熟と産卵・放精が何らかの‘寿命のスイッチ’をオンにしたような印象を受ける。アユの骨格筋の組織学的観察を行った結果、繁殖後には骨格筋の筋線維の太さが減少していた。繁殖後には筋肉の主要タンパク質であるミオシン重鎖の発現が低下しており、繁殖前後の比較トランスクリプトーム解析では、筋収縮や筋形成に関わるカスケードが有意に低下することが示された。以上から繁殖後のアユでは、哺乳類の老化個体と同様に、筋萎縮が起きていることが明らかになった。そこで、AP-1 転写因子群の発現をみたところ、検出されたほぼすべての AP-1 転写因子群の発現が、繁殖後に低下することが示された。以上の結果は、繁殖後のアユの筋肉が哺乳類と同様の老化カスケードの変化と筋萎縮を起こしていることを示す。

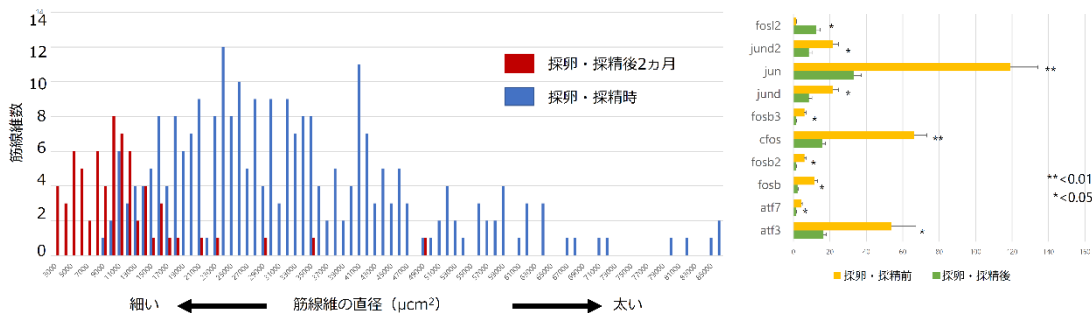


図2. 採卵・採精後のアユにおける筋萎縮と AP-1 転写因子群の発現低下。

また、繁殖後のアユでは老化細胞にみられる特徴的なシグナルカスケードが増大していた。NADは哺乳類で老化と共に量が減少し、NADレベルの人為的な増加は若返り黄河を示すが、老化細胞の増加はNADレベルの低下を引き起こす。そこで、アユの血中のNADレベルを測定したところ、繁殖後に低下することが示された。

以上の結果は、繁殖後のアユでは少なくとも部分的には哺乳類の老化と同様の変化が急速に起きていることを示す。

## (3) 短寿命魚を用いた寿命予測マーカーの探索

寿命一年で繁殖をきっかけに急速に寿命死するアユは、その過程で少なくとも部分的には哺乳類と同様の老化過程を示すことが明らかになった。このことは、アユの脊椎動物の新しい寿命解析モデルとしての高いポテンシャルを示す。本研究では、アユを用いて、若齢段階で将来寿命を予測できるようなマーカー遺伝子の探索を行った。タグ標識した未成熟アユの血液と鱗をサンプリングし、その後の死亡までの日数を記録することで、未成熟段階での遺伝子発現を将来寿命と紐づけたデータを取得し、アユの将来寿命を予測するマーカー遺伝子の探索を行った。その結果、若齢段階での発現量が将来寿命と相関する複数の遺伝子を同定し、その中には、哺乳類での老化や寿命との関連が報告されている-synucleinやタウリンの輸送体が含まれていた。これらは脊椎動物において、若齢段階での将来寿命を予測するマーカーとして利用できる可能性がある。

## (4) 長命魚と短命魚の比較ゲノム解析

哺乳類の長命種では、齧歯類として極端に長寿命なハダカデバネズミ、体サイズに比して長寿命なコウモリ、200歳を超えるホッキョククジラのゲノム解析が注目される。これらでは、既知の



寿命関連遺伝子にポジティブセレクションが認められている。そこで、ゼブラフィッシュと同じコイ科の長命種であるコイ（寿命 47 年以上）やキンギョ（寿命 41 年以上）の比較ゲノムを用い、長命種や短命種でポジティブセレクションや選択圧のゆるみが起きている遺伝子を探索した。その結果、長寿命魚では既存の寿命関連遺伝子や上述の哺乳類の長寿命種と共通する遺伝子にポジティブセレクションが生じていること、短寿命魚において DNA 修復関連遺伝子に選択圧の緩みといった変化が蓄積されていることを明らかにした。

#### (5) 超長命魚のゲノム解析

ニシオンデンザメは、極地域の深海に生息する大型のサメだが、非常に成長が遅く、性成熟に 100 年以上かかる。眼に含まれるタンパク質の炭素 14 を用いた年齢査定によって、実に 392 歳という個体が報告され、脊椎動物はもちろん、動物全般でも最長寿命クラスの生物であることが判明している。本種のゲノム解析は未だ行われていない。ここではまず、近縁種のオンデンザメのホルマリン標本を用いて、ホルマリン固定試料からの高分子 DNA の抽出方法を確立した。続いて、ノルウェー近海で捕獲されたニシオンデンザメの鱭および血液の試料から DNA と RNA を抽出し、ゲノム DNA および RNA シーケンスを行った。ゲノム DNA については、Hi-C 法によるコンタクトマップの構築も行った。ゲノム DNA の配列情報をアセンブリした結果、約 6Gb のゲノムを構築した。ここから RNA-seq データおよび近縁種の遺伝子情報を用いて、遺伝子予測を行った。

既報の鯨板類のゲノムを比較対象として、ニシオンデンザメでポジティブセレクションを受けている遺伝子を探索したところ、腫瘍形成や視覚に関連する遺伝子にポジティブセレクションがみられた。腫瘍形成に関しては、多くの長命種は共通して抗腫瘍のメカニズムを持つことから、ニシオンデンザメもそうした抗腫瘍のメカニズムを持つことが考えられる。視覚に関しては、深海に生息するニシオンデンザメは特異な光環境に適応している可能性がある。そこで、ゲノムからロドプシン遺伝子ファミリーをスクリーニングしたところ、ロドプシン遺伝子と遺伝子が得られた。水中に生息する動物において、水深が深くなると青い光以外は届きにくくなるため、生息深度に応じてロドプシンの最大吸収波長が短波長（青側）にシフトする、いわゆるブルーシフトが知られる。ロドプシンの最大吸収波長に影響するとされるアミノ酸残基の配列において、ニシオンデンザメは顕著なブルーシフトが知られるの配列と同一であったことから、ニシオンデンザメの視覚も深海に適応していることが考えられた。

またニシオンデンザメで数が増えている遺伝子ファミリーを検出したところ、TNF など抗腫瘍や免疫に関わる遺伝子群の数の増加がみられた（図3）。こうした経路の活性化は長命と直結する。また、cgn1 遺伝子の数も増加していたが、当該遺伝子は脊椎動物の長命種であるプラントホオヒゲコウモリおよび短命種であるTurquoise killifishのいずれでもポジティブセレクションを受けていることが報告されており、さらにはヒトではcgn1 遺伝子の多型が寿命の長さと相関することも報告されている。こうした遺伝子群における特性はニシオンデンザメの極端な長命に関わる可能性がある。

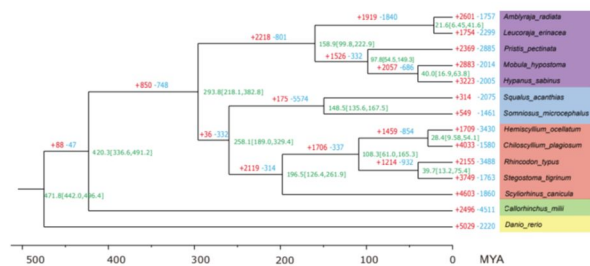


図2. 板鰐類の系統において、数が増減している遺伝子ファミリー。数が増加している遺伝子ファミリーは赤字、数が減少している遺伝子ファミリーは青字で示した。

#### (6) まとめ

以上、本申請課題では、魚類の示す老化や寿命の多様性に着目し、短命魚や長命魚のゲノム解析から、寿命の長短に関連する可能性のある様々な遺伝子を探索した。特に400歳近い個体が報告されるニシオンデンザメのゲノムは初の報告となる。また、魚類の筋肉の抗老化特性に関連する転写因子群を明らかにした。以上の成果は、脊椎動物の多様な老化・寿命特性の遺伝的基盤を理解する上で重要かつ極めてユニークな知見を提示するものである。

## 5. 主な発表論文等

〔雑誌論文〕 計5件（うち査読付論文 4件/うち国際共著 0件/うちオープンアクセス 1件）

1. 著者名 Yusuke Kijima, Wang Wantong, Yoji Igarashi, Kazutoshi Yoshitake, Shuichi Asakawa, Yutaka Suzuki, Shugo Watabe, Shigeharu Kinoshita	4. 巻 24
2. 論文標題 Age-Associated Different Transcriptome Profiling in Zebrafish and Rats: an Insight into the Diversity of Vertebrate Aging	5. 発行年 2022年
3. 雑誌名 Marine biotechnology	6. 最初と最後の頁 895-910
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.1007/s10126-022-10153-9	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 Guanting Liu, Takumi Ito, Yusuke Kijima, Kazutoshi Yoshitake, Shuichi Asakawa, Shugo Watabe, Shigeharu Kinoshita	4. 巻 114
2. 論文標題 Zebrafish Danio rerio myotomal muscle structure and growth from a spatial transcriptomics perspective	5. 発行年 2022年
3. 雑誌名 Genomics	6. 最初と最後の頁 110477-110477
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.1016/j.ygeno.2022.110477	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている（また、その予定である）	国際共著 -
1. 著者名 Hasan Sharmin, Hasan Sharmin, Asakawa Shuichi, Watabe Shugo, Kinoshita Shigeharu	4. 巻 23
2. 論文標題 Expression of the Myosin Heavy Chain (MYH) Gene myh14 in Zebrafish Development	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 Marine biotechnology	6. 最初と最後の頁 821-835
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.1007/s10126-021-10066-z	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 木下滋晴	4. 巻 52
2. 論文標題 魚類から探る脊椎動物の老化と寿命の多様性形成のメカニズム	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 細胞	6. 最初と最後の頁 648-652
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 無
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 Abdalla Elbialy, Yoji Igarashi, Shuichi Asakawa, Shugo Watabe, Shigeharu Kinoshita	4. 巻 9
2. 論文標題 An Acromegaly Disease Zebrafish Model Reveals Decline in Body Stem Cell Number along with Signs of Premature Aging.	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 Biology	6. 最初と最後の頁 120-120
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.3390/biology9060120	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9件 (うち招待講演 0件 / うち国際学会 0件)

1. 発表者名 西脇和哉・平西滉太・木島佑輔・浅川修一・吉武和敏・木下滋晴
2. 発表標題 ロングリードシーケンスに向けた オンデンザメ ( <i>Somniosus pacificus</i> ) DNA抽出法の検討とゲノム解析の展望
3. 学会等名 令和4年度日本水産学会春季大会
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 當間祥五・浅川修一・木下滋晴・吉武和敏
2. 発表標題 高分子DNA を用いたアユのゲノム解析
3. 学会等名 令和4年度日本水産学会春季大会
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 木下滋晴・木島佑輔・吉武和敏・浅川修一・神澤裕平・渡部終五
2. 発表標題 ゼブラフィッシュおよびアユにおける筋肉の加齢に伴う転写カスケードの変化
3. 学会等名 令和4年度日本水産学会秋季大会
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 藤澤稔・周防玲・糸井史朗・松原利光・阿久津崇・城後仁・當間祥五・吉武和敏・浅川修一・木下滋晴
2. 発表標題 産卵・排精後のアユの斃死とそれに伴う筋肉の形態変化および老化 細胞の蓄積の検討
3. 学会等名 令和4年度日本水産学会春季大会
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 木島佑輔・Liu Guanting・吉武和敏・浅川修一・谷内江望・木下滋晴
2. 発表標題 魚類筋細胞分化過程における遺伝子発現プログラムの検討
3. 学会等名 令和4年度日本水産学会春季大会
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 平西滉太・西脇和哉・木島佑輔・吉武和敏・浅川修一・木下滋晴
2. 発表標題 オンデンザメの de novo ゲノムシーケンシングとその生理的特性の遺伝的 基盤に関する検討
3. 学会等名 令和3年度日本水産学会春季大会
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 劉冠廷・伊藤拓己・木島佑輔・吉武和敏・浅川修一・渡部終五・木下滋晴
2. 発表標題 Spatial transcriptomic analysis of the trunk muscle in zebrafish
3. 学会等名 令和3年度日本水産学会春季大会
4. 発表年 2021年



1. 発表者名 西脇和哉・吉武和敏・浅川修一・木島佑輔・渡辺佑基・Nigel Hussey・門田満隆・工樂樹洋・木下滋晴
2. 発表標題 ニシオンデンザメのゲノムシーケンシング
3. 学会等名 第23回マリンバイオテクノロジー学会
4. 発表年 2023年

1. 発表者名 LiangJie Qiu・Kazutosh Yoshitake・Shuichi Asakaw・Shigeharu Kinoshita・Takashi Akutsu・Kyuma Suzuki・Shunsuke Saito
2. 発表標題 Screening for lifespan prediction markers using semelparous fish Ayu
3. 学会等名 令和6年度日本水産学会春季大会
4. 発表年 2024年

〔図書〕 計0件

〔産業財産権〕

〔その他〕

-

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	浅川 修一  (Asakawa Shuichi)  (30231872)	東京大学・大学院農学生命科学研究科(農学部)・教授   (12601)	
研究分担者	吉武 和敏  (Yoshitake Kazutoshi)  (50646552)	東京大学・大学院農学生命科学研究科(農学部)・助教   (12601)	
研究分担者	渡辺 佑基  (Watanabe Yuki)  (60531043)	総合研究大学院大学・統合進化科学研究センター・教授   (12702)	

6. 研究組織（つづき）

	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	神澤 裕平  (Kanzawa Yuhei)  (90450387)	群馬県水産試験場・その他部局等・研究員    (82303)	
研究分担者	齋藤 駿介  (Saito Shunsuke)  (90979981)	群馬県水産試験場・群馬県水産試験場・研究員    (82303)	
研究分担者	松原 利光  (Matubara Toshimitu)  (70450385)	群馬県水産試験場・その他部局等・研究員    (82303)	
研究分担者	阿久津 崇  (Akutu Takashi)  (70828128)	群馬県水産試験場・その他部局等・研究員    (82303)	削除：2020年9月25日

7. 科研費を使用して開催した国際研究集会

〔国際研究集会〕 計0件

8. 本研究に関連して実施した国際共同研究の実施状況

共同研究相手国	相手方研究機関