

第 16 回静岡ライフサイエンスシンポジウム

ゲノムのチカラ

－ 遺伝子情報が拓く未来 －

2015 年 3 月 7 日（土曜日）

静岡大学 大学会館 大ホール（〒422-8529 静岡市駿河区大谷 836）

主 催： 静岡生命科学若手フォーラム

共 催： 日本農芸化学会中部支部

後 援： 静岡大学超領域研究推進本部、静岡理科大学

<http://plaza.umin.ac.jp/~sizuwaka/lifesciencesymposium.html>

目次

スケジュール	．．． 2
シンポジウムの要旨	．．． 3
ポスター発表演題一覧	．．． 8
ポスター発表の要旨	．．． 14
静岡生命科学若手フォーラムメンバー名簿	．．． 41
ポスター発表投票用紙	．．． 48

スケジュール

09:00-	受付
09:20-	開会式 開会挨拶：静岡生命科学若手フォーラム代表 後援者挨拶：静岡大学 理事/副学長 碓氷 泰市
9:30-	講演 1：「ゲノムが生み出す生物の新規性について」 堀池 徳祐（静岡大学）
10:00-	講演 2：「タンパク質の構造と遺伝」 木村 洋子（静岡大学）
10:30-	ポスター発表 1
11:40-	交流会（静岡大学第二食堂） 後援者挨拶：静岡大学学長 伊東 幸宏 高校生研究表彰：静岡理工科大学学長 野口 博
12:50-	ポスター発表 2
14:00-	講演 3：「ゲノム探索が明らかにした新規 32 員環チオペプチド、ラク タゾールの発見と生合成」 尾仲 宏康（東京大学）
14:30-	講演 4：「共生をゲノムから理解する」 重信 秀治（基礎生物学研究所）
15:00-	講演 5：「モデル植物を活用した酸性土壌ストレス研究」 井内 聖（理研 BRC）
15:30-	ポスター賞発表（受賞者講演）
15:50-	閉会式

演題名	ゲノムが生み出す生物の新規性について
氏名	堀池 徳祐
所属	静岡大学大学院農学研究科
要 旨	
<p>ゲノムとはある生物が持つ全ての遺伝情報のことで、その情報は DNA（デオキシリボ核酸）を構成する塩基の並び順によって記録されている。ゲノムは数千~数万の遺伝子を含んでおり、それぞれの遺伝子是对应するタンパク質の情報を保持している。タンパク質はあらゆる生命活動に関与することからも、その情報を担う遺伝子が生物進化の鍵になっていることが分かる。ゲノムの変化によって生物に新規性がもたらされる可能性は大きく 2 つに分けられる。1 つ目は遺伝子そのものの変化である。遺伝子重複によって生じた 2 つの遺伝子のうち、片方の遺伝子が元の機能を果たし、もう片方に突然変異が蓄積した結果、新たな機能を獲得することが多い。2 つ目は既存遺伝子の発現調節領域に突然変異が起こり、遺伝子発現のタイミング、場所、量が変わることである。こちらはタンパク質そのものの機能変化を伴わない。両者とも生物が新規性を獲得する前から存在する遺伝子を活用する点において共通している。つまり「新しい遺伝子が生物に新規性をもたらす可能性」は重要視されてこなかった。</p> <p>一方、全ゲノム配列が明らかになっている生物について調べると、他の生物ゲノムから類縁性を見いだせない遺伝子が少なからず見つかる。それらはその種または系統のみに見られ、由来が不明であることから、Orphan gene（孤児遺伝子）と呼ばれる。Orphan gene は他生物で行われてきた機能解析の知見を活かすことが出来ないため、進化的または機能的な知見が極めて乏しいが、これらが生物の新規性をもたらす要因の一つとなる可能性は否定出来ない。そこで本研究では特定の系統における Orphan gene の網羅的検出と、その由来の推定を試みた。我々は検出した全ての Orphan gene についてドメイン検索、EST（Expressed Sequence Tag）検索、ゲノム非コード領域に対する相同領域検索、TE（Transposable Element）検索を行い、それらの結果から由来を推定した。その結果 Orphan gene を「非コード領域由来」「TE 由来」「遺伝子重複後のドメインシャッフリング由来」に分類することが出来た。本発表ではこの方法を用いた哺乳類のいくつかの系統における Orphan gene の検出とその由来の推定についてお話したい。</p>	

演題名	タンパク質の構造と遺伝
氏名	木村 洋子
所属	静岡大学大学院農学研究科
要 旨	
<p>ヒトの遺伝子は、2.1×10^4個、酵母では6300個ほど存在し、これらの遺伝子の多くは幾つかの段階で種々の調節を受けて、タンパク質を発現している。そして、細胞内の数多くの生体反応は、タンパク質によって営まれている。</p> <p>タンパク質は、それぞれ固有の立体構造を取ることによって、機能を発揮することができる。しかし、細胞の中は、タンパク質濃度が極めて高く大変混みあった状態で存在しており、タンパク質が構造を失って凝集を起こしやすい環境である。そのため、細胞内ではタンパク質の品質を管理するシステムが大きく分けて2つ存在している。タンパク質の凝集を防ぎ、タンパク質の折れたたみを促進する働きを行うシャペロンシステムと、不用になったり構造がおかしくなったタンパク質を分解する分解システムである。前者は主に分子シャペロンとよばれる一群のタンパク質によって行われ、後者では、ユビキチン・プロテアソーム系及びオートファジーなどの分子が働いていることが知られている。これらの品質管理システムがうまく働かなくなると、ストレスに対して脆弱になり、ヒトでは神経変性疾患などの障害を引き起こす。</p> <p>また1つのタンパク質が2つの異なる構造をとる場合があることも報告されており、プリオン病はその例である。さらに酵母では、非メンデル性遺伝現象を示す表現型が、一つのタンパク質が2つの異なる構造をとることによってもたらされていることが明らかになり、タンパク質の構造、そして品質管理に関する研究は盛んに行われている。</p> <p>本講演では、タンパク質の品質管理に関するホットな話題を紹介し、あわせてユビキチンに関する我々の研究を紹介したい。</p>	

演題名	ゲノム探索が明らかにした新規 32 員環チオペプチド、 ラクタゾールの発見と生合成
氏名	尾仲 宏康
所属	東京大学大学院農学生命科学研究科

要 旨

放線菌は多様な生理活性物質を生産する菌群として知られている。これらの生理活性物質はその化学構造と生合成機構から、いくつかの大きなグループに分類される。中でも RiPPs と呼ばれる化合物群に注目が集まってきている。RiPPs は Ribosomally synthesized and Post-translationally modified Peptides の略でリボソームで前駆体ペプチドが翻訳され、その後翻訳後修飾酵素によって生合成されるペプチド化合物の一群を指す。RiPPs はその前駆体となる構造ペプチドが構造遺伝子としてゲノム上にコードされているために、塩基置換により容易にアナログ体の生産が可能となる。このような特徴を有するために、多様な類縁体を創製する生合成マシナリーとして有望であると考えられている。

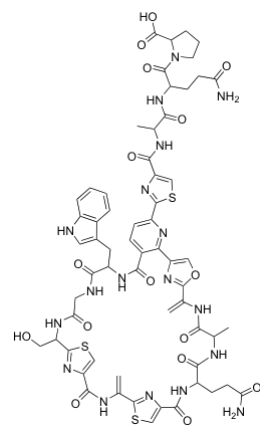
チオペプチドは RiPPs の一種であり、大員環の要の部分ピリジン環骨格であることが特徴である抗生物質である。これまでに数十種類のチオペプチドが放線菌から発見されているが、放線菌ゲノムを解読すると、チオペプチドを生産すると報告されている菌種以外にもチオペプチド生合成遺伝子群が見出されている。このことは、通常の実験室での培養条件では発現していないクリプティックなチオペプチド生合成遺伝子群が放線菌に多数眠っていることを示唆している。

放線菌 *Streptomyces lactacystinaeus* のゲノム解読から、本ゲノム中には 6 個の遺伝子だけからなる、これまでに類を見ない最小単位のチオペプチド生合成遺伝子クラスターの存在を確認した。構造遺伝子配列より、新規チオペプチドであることが推測されたが、*S. lactacystinaeus* がチオペプチド系化合物を生産するという報告はこれまで無かったため、本チオペプチド生合成遺伝子群もクリプティック遺伝子群であると推測された。

そこで、本チオペプチドを同定するために、本遺伝子群を別種の放線菌である *Streptomyces lividans* に移植し、異種発現を行った。その結果、新規チオペプチド化合物 lactazole (ラクタゾール) 類の生産を確認した¹

lactazole は 14、16、17 個のアミノ酸残基をベースにした 3 種の類縁からなる新規チオペプチド化合物群で、それぞれ lactazole A、lactazole B、lactazole C と命名した。ピリジン環を要とする大員環を形成しazole環やdehydroalanineなどが分子内に存在する構造を有していた。しかしながら、大員環のサイズや構成するアミノ酸の種類、ピリジン環と隣接する化学構造が既知チオペプチドとは異なっており、新しいタイプのチオペプチドであった。大員環のサイズについては従来のチオペプチドは 9、10、12 残基で大員環を形成するチオペプチドのみが報告されていたが、今回初めて、11 残基で構成される 32 員環チオペプチドとして lactazole が発見された。また、lactazole を構成するアミノ酸に Trp や Gln が含まれている点、ピリジン環と隣接して Trp が連結している点も従来のチオペプチドには見られない lactazole にユニークな特徴であった。

今回、ゲノム探索によって lactazole が発見できたことから、新規抗生物質の発見にゲノム探索が有効であることが改めて示された。また、lactazole のような新規性の高いチオペプチドが見つかったことから、従来考えられていたチオペプチドの構造レパートリーの枠組みが拡大し、より多様なチオペプチド構造が天然物に存在している可能性を示した。



lactazole A の化学構造

- Hayashi S, Ozaki T, Asamizu S, Ikeda H, Omura S, Oku N, Igarashi Y, Tomoda H, & Onaka H (2014) Genome mining reveals a minimum gene set for the biosynthesis

演題名	共生をゲノムから理解する
氏名	重信 秀治
所属	基礎生物学研究所 生物機能解析センター
要 旨	
<p>地球上には多くの共生関係が観察され、それらは実に多様で魅力的である。20 世紀までの共生研究は記載的な博物学的・生態学的研究が主であったが、21 世紀に入るとゲノム解析技術の発展により、複雑な共生のシステムを遺伝子や分子の言葉で理解できるようになってきた。特に最近では、次世代シーケンシング技術などにより共生のゲノム科学は急速に発展しつつある。そのような背景で登場した「共生ゲノム学 (Symbiogenomics)」は、ゲノム科学的アプローチで共生を理解することを目指した、新しい研究領域である。本講演の前半では、最新の多様な共生系の共生ゲノム学的研究の動向を紹介する。後半では、共生研究のモデルであるアブラムシとその共生細菌ブフネラの細胞内共生において、トランスクリプトームデータを手掛かりにして最近私たちが発見したシステムリッチペプチド BCR ファミリーについて報告し、このタンパク質が共生に果たす役割とその進化について議論する。そして、共生進化の普遍原理～プリンシプル～について考察したい。</p>	

演題名	モデル植物を活用した酸性土壌ストレス研究
氏名	井内 聖
所属	理化学研究所バイオリソースセンター実験植物開発室
要 旨	
<p>植物科学の研究基盤整備を行うために、理化学研究所バイオリソースセンターでは、ナショナルバイオリソースプロジェクトに参画してモデル植物であるシロイヌナズナを中心としたバイオリソースの収集・保存・提供に関する事業を行っている。演者は植物の酸性土壌ストレスに関する研究を通して、より使いやすいバイオリソースの整備を行っている。本講演では酸性土壌ストレスへの植物の応答機構について明らかになってきたことを紹介し、モデル植物のバイオリソース整備の状況についても説明したい。</p> <p>世界的に耕作地が酸性化し作物の生産に影響が出ている。土壌が酸性化すると植物の生育は著しく阻害されることが知られており、これは土壌が酸性化することによって土壌中に存在するアルミニウムが可溶化することが主な原因であると考えられている。植物の酸性土壌ストレスへの応答機構を明らかにするために、シロイヌナズナ野生株の比較及び変異処理したシロイヌナズナ種子から酸性条件に高感受性を示す変異体のスクリーニングを行った。得られた変異体 (stop1) は、興味深いことに酸性条件のみならずアルミニウムに対しても高感受性を示した。変異体のトランスクリプトーム解析などの結果から、通常はアルミニウム処理でリンゴ酸トランスポーター遺伝子の発現が誘導されるが、変異体ではその誘導が抑制されていることが示された。変異体の原因遺伝子はポジショナルマッピングなどの結果からジンクフィンガーモチーフを有する転写因子であった。他の植物種において STOP 1 遺伝子の存在を調べたところ、タバコやユーカリなどに加えてヒメツリガネゴケにも STOP1 遺伝子が存在しており、ヒメツリガネゴケの遺伝子破壊系統 (PpSTOP1-K0) ではアルミニウム耐性の低下が認められた。このことは STOP1 が植物に広く存在し、古くから酸性応答機構に関わる重要な因子であることを示している。</p> <p>後半では、研究を通して確立した変異体の原因遺伝子を同定するポジショナルマッピングの効率化手法、シロイヌナズナ野生系統の種子整備および遺伝型情報や表現型情報のデータベース整備、次世代シーケンサーを用いたリソース品質管理など、バイオリソース整備に関する取り組みを紹介したい。</p>	

ポスター発表演題一覧

【奇数番号はポスター発表 1 (10:30-11:30)、偶数番号はポスター発表 2 (12:50-13:50) の時間帯にポスター前に立ってプレゼンテーションをして下さい】

<一般の部>

P-1

ゲノム上に G+C 含量の異なる 2 種類の 16S rRNA 遺伝子を有する好塩性古細菌 *Haloarcula* 属の生理生態

*1 佐藤 悠、2 藤原 健智、#1 木村 浩之
1 静岡大・院理・地球、2 静岡大・院理・生物

P-2

付加体の深部地下圏における微生物メタン生成と炭素・窒素循環

*1 松下慎、2 石川修伍、2 長井一茂、2 眞柄健太、2 平田悠一郎、#1 木村浩之
1 静岡大・院理・地球、2 静岡大・理・地球

P-3

CRISPR/Cas on RNA in *Xenopus laevis*; antisense morpholino oligomers may not be required any more

*森本健太、#黒田裕樹
慶應大・環境情報

P-4

小分子 GABA がアフリカツメガエルの初期発生に与える影響

*1 古川知世、2 山崎友貴、#1、2 黒田裕樹
1 静岡大・創造院・バイオサイエンス、2 慶應大・環境情報

P-5

難生産性蛋白質の生産に影響を与える菌体密度応答性遺伝子の解析

*1 鈴木理沙、1 黒瀬猛、1 伊藤圭祐、#1 河原崎泰昌
1 静岡県立大・食品・生物分子工学

P-6

九州南東部の付加体の深部地下圏にて起こるメタン生成メカニズムの解明

*1 石川修伍、2 松下慎、1 長井一茂、#2 木村浩之
1 静岡大・理・地球科学、2 静岡大・院理・地球科学専攻

P-7

チャ培養根を用いたアルミニウム誘導性有機酸放出機構の解析

*1 田中靖乃、2 久保智也、2 片山博史、1 森田明雄、#1 一家崇志
1 静岡大・院農・応生、2 静岡大・農・応生

P-8

放線菌 *Planomonospora sphaerica* から得られた抗菌ペプチドの単離と構造決定

1*井上雄斗、2 逸見光、2 亀山眞由美、1 小谷真也

1 静岡大・農・応生、2 農研機構・食総研

P-9

大腸菌を用いた *Bacillus aidingsensis* のランチビオティック前駆体の異宿主

*高坂憲正、小谷真也

静岡大・農・応生

P-14

SCW [機械学習の 1 法] を用いたミカエリス・メンテン式のパラメータ値推定

*川口 諒、松田 健、#大相 弘順

静岡理工科大学・総合情報学部

P-10

Bacillus sonorensis からのランチビオティックの単離および構造決定

*菅井翔吾、小谷真也

静岡大・農・応生

P-15

チャの生育に及ぼすカフェイン処理の影響と試験管内挿し木法の確立

*1 片山博史, 2 森田明雄, 2#一家崇志

1 静岡大・農・応生, 2 静岡大・院農・応生

P-11

リボゾーム工学による高性能大腸菌宿主の創製

*1 綾木 啓太、1 藤澤 知弘、#2 保坂 毅

1 信州大・院農、2 信州大・バイオメディカル

P-16

食中毒菌の毒素活性および産生に対するポリフェノール系既存食品添加物の抑制効果とその作用機序の解明

*1、平井央子 1、2、島村裕子 1, 2, 杉山由華、#1、2 増田修一

1 静岡県大・薬食生命、2 静岡県大・食品栄養

P-12

放線菌の翻訳伸長因子 EF-G 変異株における抗生物質高生産化機構の解析

*1 井上 尚也, 1 渡邊 健, #2 保坂 毅

1 信州大・院農, 2 信州大・バイオメディカル

P-17

カリウム欠乏茶樹におけるセシウム吸収量の経時的变化

*1 鴨志田瑞穂, 2 小森菜帆, 1 森田明雄,

#1 一家崇志

1 静大院農, 2 静大農

P-13

単純化した細胞間ルール・シミュレーションにおける多様な初期値依存的細胞パターン形成

*近藤 翔太、#大相 弘順

静岡理工科大学・総合情報学部

P-18

グアニン四重鎖 DNA と RNA に選択的に結合するタンパク質の開発

*1 宮脇有沙、奥島彩子、高濱謙太郎、#2 大

吉崇文

1 静岡大・院理・化学、2 静岡大・理・化学

P-19

TLS によるテロメアのクロマチン構造制御機構の解明

*1 早野貴大、2 宮脇有沙、#2 大吉崇文
1 静岡大・理・化学、2 静岡大・院理・化学

P-20

ラット肝上皮細胞株における CRISPR/Cas9 法を用いた *Pdx1* 遺伝子ノックアウト系の確立

末永 昂大、山内 仁史、*# 小池 亨
静岡大・理・生物

P-21

相互作用蛋白質の定量的大規模スクリーニング法の開発と評価

藪田拓実、伊藤圭祐、*河原崎泰昌
静岡県大・食・生物分子工学

P-22

富栄養化を軽減する未知微生物の解析に向けた集積培養

*1 杉山和哉、2 田代陽介、#2 二又裕之
1 静岡大・工、2 静岡大・院工

P-23

抗生物質リンコマイシンによる *Streptomyces* 属放線菌の二次代謝活性化機構の解析

*1 下野和真、2 今井優、#3 保坂毅
1 信州大・農、2 信州大院・総合工、3 信州大・バイオメディカル

P-24

微生物由来新規バイオマテリアルの物質科学的特性解析

*1 由井嵐士、#2 久保田博子、#3 鈴木溪、#2 餅原弘樹、細川拓也、田代陽介、二又裕之
1 静岡大・工、2 静岡大院・工、3 静岡大院・自然科学系教育部

P-25

TAF15 の核酸結合性とテロメアにおける機能の解明

*1 奥島彩子・高濱健太郎・#大吉崇文
1 静岡大・院理・化学

P-26

グアニン四重鎖による転写制御機構の解明

*1 鈴木裕弥、2 小林拓哉、#1 大吉崇文
1 静岡大・院理・化学、2 静岡大・理・化学

P-27

大腸菌のバイオフィルム形成に關与する新規因子の探索

*1 永尾篤義、2 長谷川雄将、2 鈴木研志、2 犬塚友麻、2 二又裕之、#2 田代陽介
1 静岡大・工、2 静岡大院・工

P-28

テロメア集合を介した動原体構造制御機構の解明

*1 勝俣和大、1 平安亜美、1 建穂一樹、2 和久田愛理、2 市川絢登、2 三好純平、#1、2 山本歩

P-29

クロロエテン類の効率的脱塩素化に向けた
種間水素伝達系の解析

*1 岸本 亮太、2 田代 陽介、#2 二又 裕之
1 静岡大・工、2 静岡大院・工

P-30

近赤外光スペクトロスコピー (NIRS) / 脳
波 (EEG) を用いたダーツ投擲時の脳機能解
析

*池谷直哉、鈴木陵太、#奥村哲
静岡理工科大・総合情報・人間情報デザイ
ン

P-31

変性タンパク質ストレスによる TORC1 及び
オートファジーの影響

須田 一毅
静岡大・理・生物

P-32

赤・遠赤色光スイッチ型 cAMP 合成酵素の
開発

*1 伏見圭司、2 榎本元、2 池内昌彦、#1、3
成川礼
1 静岡大・理学部、2 東京大・教養学部、3
JST さきがけ

P-33

PP2A phosphatase regulates autophagy in
budding yeast

Mst. Yeasmin Akter
GSST, Shizuoka University, Biological

P-34

Screening protein phosphatases involved
in starvation induced PAS organization
in budding yeast

Muhammad Waliullah Talukdar
GSST, Shizuoka University, Biological
Science

P-35

べにふうき緑茶および生姜を用いた脂肪蓄
積抑制効果の相乗・拮抗作用の検

*1 福原泰斗、1 水野友貴、1 松下智紀、2 茶
山和敏、3 上村慎子、4 下位香代子#1 竹下
温子
1 静岡大・教育・消費生活 2 静岡大・院農・
応用生物 3 静岡県・工技研究所 4 静岡県立
大・食品・環境

P-36

肝臓特異的 *Hhex* 遺伝子欠失マウス肝臓に
おける嚢胞発生と Wnt シグナル

1 上野 友也、*1 福地 智一、2 鈴木 淳史、
3 山本 太一、3 野口 民夫、1 小池 亨、1
塩尻 信義
1 静岡大・理・生物、2 九州大学・生体防
御医学研究所・細胞機能制御学部門、3 大
阪大谷大学・薬学部・薬学科

P-37

環境保全型生物的防除に関わる寄生蜂によ
る未経験の寄主ハビタット植物由来の探索
キューに対する応答性の獲得

竹本裕之

P-38

出芽酵母 Pph3 フォスファターゼの新規テロメア付加修復における機能の解析

*小池直暉、後藤晃兵、#丑丸敬史

静岡大・理・生物

P-39

減数分裂の進行と染色体分配におけるオートファジーの役割

*1 松原央達、#1、2 山本歩

1 静岡大・創造・バイオ、2 静岡大・理・化

P-40

茶園土壌からの酸性・アルミニウムイオン耐性の微生物の探索

藤田大貴、齋藤明広

静岡理工大・理工・物質生命

〈高校生の部〉

P-H1

色素測定法の確立と Plant Senescence による葉色研究法の開発

1 澤田真緒、井上凌輔、石原愛梨、酒井僚也、2 鈴木杏彩

1 学校法人静岡理工科大学静岡北高等学校・科学部植物班葉色チーム、2 研究班顧問

P-H2

新たな土壌浄化法の提案 - 不定根を利用した塩害ファイトアキュミュレーション基礎研究 -

1 福嶋健士郎、安達黎也、宮本慧真、2 鈴木杏彩

1 学校法人静岡理工科大学静岡北高等学校・科学部植物班不定根チーム、2 研究班顧問

P-H3

ユウゲシヨウ (*Oenothera rosea*) の分布拡大について

小野田愛梨・小湊樹

静岡県立磐田南高等学校・理数科

P-H4

花卉表皮に突起を持たないキキョウの研究

澤康一・鈴木萌絵・山本珠永

静岡県立磐田南高等学校・生物部

P-H5

様々な性質を持つ波刺激を与えた時の酵母

のストレス応答と活性化について

福地司、中西利樹、野田拓
静岡北高等学校

中山陸

県立科学技術高等学校 自然科学部

P-H6

植物に生息する微生物群集について 酵母菌を中心として

瀧幸佑、高月稜、中川瞭
静岡北高等学校 科学部

P-H12

ヒヨコの衝動性と多動性に及ぼす人工着色料の影響

*1, 2 鈴木萌、*1, 2 堀井まりん、2, 3 山本彩奈、#2, 3 竹内浩昭
1 静岡雙葉高校、2 静岡サイエンススクール、
3 静岡大・理・生物

P-H7

mtDNA 解析によるゲンジボタル地域差 II

*小野僚子、*森下奈緒、*吉川種乃、#*良知亜里紗
掛川西高校自然科学部

P-H13

枯れ松葉を循環資源にするための研究

柚木みなみ 増田彩香 望月桃子
静岡県立静岡農業高等学校 松葉研究班

P-H8

静岡県遠州南部地域のクマムシ調査

* 村松万里、* 寺阪聡志、* 加藤隆丈、
* 佐藤茂樹
掛川西高校自然科学部

P-H14

ゲンジボタル明滅周期の変化と地域差

松下 保男
静岡県立掛川西高校 教諭

P-H9

シイタケの菌糸成長を促進する食材の探索

大澤研斗、望月健次、堀池愁、小沼侑司
静岡県立科学技術高校・自然科学部

P-H10

高校生の自意識と性格特性の関連

*1, 2 澤口夏未、2, 3 小川侑祐、#2, 3 竹内浩昭
1 静岡雙葉高校、2 静岡サイエンススクール、
3 静岡大・理・生物

P-H11

竹 1 本からとれる糖の量の測定

小林祐一郎 服部連 望月啓吾 永井元基

ポスター 一般の部

P-1

ゲノム上に G+C 含量の異なる 2 種類の 16S rRNA 遺伝子を有する好塩性古細菌 *Haloarcula* 属の生理生態

*1 佐藤 悠、2 藤原 健智、#1 木村 浩之

1 静岡大・院理・地球、2 静岡大・院理・生物

16S rRNA は原核生物の細胞内にて二次構造を形成し、翻訳の役割を担う。(超)好熱菌は、高温環境において二次構造を保つために 56-69%程度の G+C 含量の 16S rRNA を有し、好冷菌や中温菌は 50-60%程度の G+C 含量の 16S rRNA を有する。

一般的に、原核生物はゲノム上に同じ塩基配列の 16S rRNA 遺伝子を有する。一方、昼夜で温度変化の激しい砂漠の塩湖などの環境に生息する好塩性古細菌 *Haloarcula* は、ゲノム上に塩基配列および G+C 含量の異なる 2 種類の 16S rRNA 遺伝子 (*rrnA*, *rrnBC*) を有する。本研究では、様々な温度条件にて好塩性古細菌 *Haloarcula* 属 3 菌株を培養し、増殖速度の算出 および *rrnA* と *rrnBC* の存在量の測定を行った。その結果、3 菌株は 35°C から 45°C にかけて高い増殖速度を維持し、40°C 以上で G+C 含量の高い *rrnA* の存在量を全体の 60% 以上に増加させた。*Haloarcula* 属は、温度変化に応じて 2 種類の 16S rRNA 遺伝子の発現を制御すると考えられる。

P-2

付加体の深部地下圏における微生物メタン生成と炭素・窒素循環

*1 松下慎, 2 石川修伍, 2 長井一茂, 2 眞柄健太, 2 平田悠一郎, #1 木村浩之

1 静岡大・院理・地球、2 静岡大・理・地球

西南日本の太平洋沿岸域は付加体と呼ばれる厚い堆積層からなり、その深部地下圏には嫌気性地下水と天然ガスが存在している。本研究では、静岡県中西部において嫌気性地下水と付随ガスの採取を行った。採取したほとんどの付随ガスにメタンが90%以上含まれており、炭素安定同位体比から微生物起源のメタンであることが示唆された。一方、一部の付随ガスには20~99%の割合でN₂が含まれていた。地下水中の微生物群集の16S rRNA 遺伝子解析により、発酵細菌、メタン生成菌、脱窒細菌の優占が示された。また、地下水に有機物を添加した嫌気培養を行ったところ、水素発生型発酵細菌と水素資化性メタン生成菌の共生によるメタン生成が確認された。同時に、地下水中の脱窒細菌を対象とした培養を試みた結果、脱窒によるN₂生成が確認された。一連の結果より、付加体の深部地下圏において、微生物群集の共生によるメタン生成と脱窒細菌によるN₂生成が行われていることが示された。

P-3

CRISPR/Cas on RNA in *Xenopus laevis*; antisense morpholino oligomers may not be required any more

*森本健太、#黒田裕樹

慶應大・環境情報

The CRISPR/Cas system is widely used for double-stranded DNA cleavage guided by PAM and gRNA. Moreover, in 2014, it is reported that the CRISPR/Cas system is also applicable to single-stranded RNA cleavage by DNA oligomer called PAMmer in addition to tools for original way. Therefore, we considered that this new technology could be much less expensive way to perform loss-of-functional experiment using *Xenopus laevis* than famous antisense morpholino oligomers (MOs).

First target that we tried was *beta-catenin* mRNA, which is maternal factor and required for dorsalization. Second target that we tried was *VegT* mRNA, which is also maternal factor and required for expression of mesoderm inducer nodals. Third target that we tried were *siamois* and *twin* mRNAs, which are zygotic factors induced by the canonical Wnt signaling and required for head formation. Interestingly, in all cases, phenotypes induced by this new technology were almost similar to the effects by MOs.

Taken together with these results, we conclude that molecular developmental biological technology MOs now become a funeral march for the loss-of-functional field.

P-4

小分子 GABA がアフリカツメガエルの初期発生に与える影響

*1 古川知世、2 山崎友貴、#1、2 黒田裕樹

1 静岡大・創造院・バイオサイエンス、2 慶應大・環境情報

初期発生時期では様々な小分子が働いていると考えられるが、レチノイン酸(分子量 300)やセロトニン(分子量 176)、アドレナリン(分子量 183)などその報告例は少ない。本研究では、メタボローム解析によりツメガエルの初期発生段階において存在が示唆された GABA (gamma aminobutyric acid:分子量 103)の役割を検証する。まず、GABA 受容体と GABA 合成酵素の発現を確認した。そして、GABA とその受容体アンタゴニストである PTZ (pentylentetrazole)を用いた暴露処理を行ったところ、GABA では fin 構造(ヒレ)の収縮、PTZ では逆にその拡大が確認された。さらに、時期特異的な暴露処理により、GABA は尾芽胚期以降で fin 形成に影響を与えることが分かった。以上の結果から、初期発生段階において GABA シグナルは fin 構造形成に対して抑制的に働くと結論づける。

P-5

難生産性蛋白質の生産に影響を与える菌体密度応答性遺伝子の解析

*1 鈴木理沙、1 黒瀬猛、1 伊藤圭祐、#1 河原崎泰昌

1 静岡県立大・食品・生物分子工学

【背景・目的】難生産性組換え蛋白質の生産を可能にする「高密度菌体懸濁液を用いた発現系では、広域転写因子 ADR1p 結合配列を持った遺伝子の発現量増大が見られる。これらのうち、IME1 および YGR067C が難生産性蛋白質生産に与える影響を解析した。IME1p は減数分裂を誘導する転写因子であり、YGR067Cp は ADR1p の DNA 結合ドメインと酷似する配列を有する。

【結果・考察】IME1 および YGR067C 遺伝子欠損株を作製した。YGR067C 欠損株は顕著な表現型を示さなかった。IME1 欠損株は誘導培地では増殖しなかった。両遺伝子欠損株に難生産性蛋白質(ラッカーゼ)を生産させたところ、YGR067C 欠損株は親株の約 2.1 倍のラッカーゼを生産した。これらのことから、YGR067C は ADR1 による下流因子の活性化をフィードバック制御している可能性が示された。

P-6

九州南東部の付加体の深部地下圏にて起こるメタン生成メカニズムの解明

*1 石川修伍、2 松下慎、1 長井一茂、#2 木村浩之

1 静岡大・理・地球科学、2 静岡大・院理・地球科学専攻

西南日本の太平洋沿岸域は付加体と呼ばれる厚い堆積層からなり、その深部地下圏には嫌気性地下水と天然ガスが存在している。本研究では、宮崎県の付加体に構築された温泉

用掘削井から地下水と付随ガスを採取した。採取した付随ガスはメタンを90%以上含んでおり、炭素安定同位体比分析より、微生物起源のメタンであることが示された。地下水に有機基質を添加した嫌気培養では、水素発生型発酵細菌と水素資化性メタン生成菌の共生によるメタン生成が確認された。また、培養後の微生物群集の16S rRNA 遺伝子を対象とした系統解析において、発酵細菌と水素資化性メタン生成菌の優占が確認された。本研究の結果から、九州南東部の付加体の深部地下圏において水素発生型発酵細菌と水素資化性メタン生成菌の共生によるメタン生成が行われていることが示された。また、地下圏微生物によるメタン生成が付加体からなる広大な地域の深部地下環境において起こる可能性が示された。

P-7

チャ培養根を用いたアルミニウム誘導性有機酸放出機構の解析

*1 田中靖乃, 2 久保智也, 2 片山博史, 1 森田明雄, #1 一家崇志

1 静岡大・院農・応生, 2 静岡大・農・応生

酸性土壌では、過剰なアルミニウムイオン (Al^{3+}) により根伸長が阻害される。一方、好酸性植物であるチャ (*Camellia sinensis* L.) は、根端からの有機酸放出による Al^{3+} 無毒化機構を有するが、その Al 特異性や関連遺伝子の発現などについては不明な点が多い。本研究では、チャ茎切片から無菌的に誘導したチャ培養根を用いて Al 処理および重金属類処理を行い、 Al 誘導型の有機酸放出について調査すると共に、RNA-Seq 解析による Al 耐性関連遺伝子の解明を試みた。 Al 処理により、培養根からのシュウ酸およびクエン酸放出量が増加した。一方、 Al 処理により発現量が2倍以上増加し、かつ5ヵ所以上の膜貫通領域もつ25コンティグのうち6つについては、BLAST プログラムによるアノテーションが付加されなかったことから、 Al 誘導型有機酸放出に関与する未知の輸送体タンパク質である可能性が示唆された。

P-8

放線菌 *Planomonospora sphaerica* から得られた抗菌ペプチドの単離と構造決定

1*井上雄斗, 2 逸見光, 2 亀山真由美, 1 小谷真也

1 静岡大・農・応生, 2 農研機構・食総研

Planomonospora 属放線菌のスクリーニングを行い、*P. sphaerica* の抽出物から新規抗菌ペプチド planosporamide を見出した。本研究ではその単離と構造決定を目的とする。*P.*

sphaerica を培養後、菌体をアセトン抽出し HPLC 分取により目的ペプチドを得た。本ペプチドの抗菌活性試験を行なったところ *Micrococcus luteus* に対し抗菌活性が見られた。また、高分解能 ESI-MS の結果から分子式 $C_{110}H_{146}N_{24}O_{22}$ と決定した。アミノ酸分析及び NMR の解析より、18 のアミノ酸から成る環状ペプチドであることが推定された。1N 塩酸による部分加水分解後、直鎖ペプチドを MS/MS 分析により得られたフラグメント解析した。さらに NMR の解析の結果から、アミノ酸配列 IGPIEWIWGRPSGWYFPL が環状になったペプチドであることを明らかにした。

P-9

大腸菌を用いた *Bacillus aidingensis* のランチビオティック前駆体の異宿主

*高坂憲正、小谷真也

静岡大・農・応生

クラス II のランチビオティック生合成遺伝子は構造ペプチド (LanA)-修飾酵素 (LanM)-トランスポーター (LanT) の並びに存在する。本研究では、*Bacillus aidingensis* (DSM18341) の LanA-LanM を大腸菌で共発現させることで修飾されたランチビオティック前駆体の生産を試みた。該当遺伝子を PCR で増幅し、TA クローニングでベクター pTAC-2 へ導入した。更に該当遺伝子を発現ベクター pETUA へサブクローニングを行った。得られた組換えベクター pETUA-lanAM を大腸菌 BL21 (DE3) へ形質転換し、IPTG で発現誘導を行った。SDS-PAGE による発現解析を行ったが、予想されるペプチドの生産を確認できなかった。発現ベクターが機能してなかった可能性があるため、今後発現ベクター pET28a にサブクローニングを行い、発現解析を行う予定である。

P-10

Bacillus sonorensis からのランチビオティックの単離および構造決定

*菅井翔吾、小谷真也

静岡大・農・応生

Bacillus sonorensis の遺伝子情報からゲノムマイニングを行い、新規ランチビオティック生合成遺伝子が存在するを見出した。実際に培養した *B. sonorensis* 菌体抽出物にランチビオティックの存在が明らかとなり、本物質の単離・構造決定を行った。*B.*

sonorensis NBRC101234 株を JCM302 寒天培地にて培養を行った。培養菌体をアセトン抽出し ODS カラムを用いた HPLC 分取により目的物質を単離し、ESI-MS スペクトラムを用いて構造解析を試みた。HPLC 分取後、精製したランチビオティックが得られた。ESI-MS スペクトルの結果、 m/z 1179.6 に 2 価のモノアイソトピックイオンピークを与えた。その結果、ゲノムマイニングで見出したランチビオティック構造遺伝子 (EME72636.1) から生成すると予測されるランチビオティックと分子量が一致した。

P-11

リボゾーム工学による高性能大腸菌宿主の創製

*1 綾木 啓太、1 藤澤 知弘、#2 保坂 毅

1 信州大・院農、2 信州大・バイオメディカル

大腸菌を用いた異種タンパク質発現系では、目的遺伝子の DNA 塩基配列によって大腸菌に対する致命的な作用や不溶化などの問題が生じ、微量のタンパク質しか得られない場合がある。そのため、現在でも様々なアプローチで宿主細胞の改良が行われている。本研究では、リボゾーム工学技術（リボゾーム変異により翻訳機能を改変し、細菌の潜在能力を引き出す技術）を活用し、異種タンパク質発現における大腸菌の宿主としての機能を向上できるか否かを検討した。

その結果、*Escherichia coli* BL21 (DE3) に特定のリボゾームタンパク質 S12 変異を持たせることで、発現困難なタンパク質の高発現や不溶化するタンパク質を可溶性画分へ発現できる宿主細胞を作り出せることを見出した。このことから、異種タンパク質発現における高性能な大腸菌宿主の創製においてリボゾーム工学技術が有効であると結論付けた。

P-12

放線菌の翻訳伸長因子 EF-G 変異株における抗生物質高生産化機構の解析

*1 井上 尚也、1 渡邊 健、#2 保坂 毅

1 信州大・院農、2 信州大・バイオメディカル

Streptomyces 属放線菌において、二次代謝（抗生物質生産）の引き金物質 ppGpp の標的分子である翻訳伸長因子 EF-G の特定変異は、同菌の抗生物質生産量を大幅に増加させ

る。この現象を分子レベルで理解するために我々は、放線菌基準株 *Streptomyces coelicolor* A3(2) を用いて EF-G 変異による抗生物質高生産化機構を生化学・分子生物学的な面から解析した。その結果、EF-G の 341 番目のバリンがロイシンに置換する変異は、*Streptomyces coelicolor* A3(2) の ppGpp 合成能と定常期における翻訳能力を絶妙なバランスで変化させ、このことが抗生物質高生産化の重要な原因であることを明らかにしたので報告する。

P-13

単純化した細胞間ルール・シミュレーションにおける多様な初期値依存的細胞パターン形成

*近藤 翔太、#大相 弘順

静岡理工科大学・総合情報学部

細胞のパターン形成を可能とする単純な細胞間相互作用ルールを探るため、作用因子数を限定し、簡素化した作用ルールによる細胞間シミュレーションプログラムを作成した。このシミュレーションシステムでは、2次元平面上に配列する細胞集団を仮定し、細胞膜上の作用因子を3種類(MF1~3)、細胞から分泌される作用因子を3種類(DF1~3)、およびそれら因子のそれぞれの受容体6種類(MFR1~3, DFR1~3)、計12個の因子を仮定した。それらの因子の発現促進、発現抑制の作用関係について、単純化したルールを取り入れた因子間相互作用を設定し、その因子間関係を様々に変化させることで、パターン形成を可能とするような作用関係を探った。さまざまにパラメータ値セットを変えてシミュレーションを試みた結果、特定の因子間相互作用関係においては、パラメータ値セットを一定にした条件において、初期値設定に大きく依存した多様な細胞パターンの形成が起きることが示された。

P-14

SCW [機械学習の1法] を用いたミカエリス・メンテン式のパラメータ値推定

*川口 諒、松田 健、#大相 弘順

静岡理工科大学・総合情報学部

SCW (Soft Confidence-Weighted Learning ; 機械学習の一つ) を用いたミカエリス定数

の新たな推定方法を、昨年の本大会でポスター報告した。昨年の報告では、1つの酵素反応実験 データについて、最小二乗法より算出したミカエリス定数との比較を行い、SCW 法の方が、最小二乗法よりも実験データと直線の当てはまりが良いことを示した。今回は、酵素反応についてより多くの測定実験データ（学生実験時の12グループのデータ）を用いて、両者の方法の比較を行うことで、SCW の有用性に関する検討を行った。また、SCW の特徴として、一般的に外れ値の影響を受けにくい点があげられるため、実測データに対して様々な外れ値を意図的に与え、両者の方法による結果を比較した。それらの結果、提案手法である SCW 法の方が直線との当てはまりが良いケースと、最小二乗法の方が当てはまりが良いケースがあることが示された。今後は、提案手法のアルゴリズムについてさらに改良することが必要と思われる。

P-15

チャの生育に及ぼすカフェイン処理の影響と試験管内挿し木法の確立

*1 片山博史, 2 森田明雄, 2#一家崇志

1 静岡大・農・応生, 2 静岡大・院農・応生

チャに含まれるカフェインはアルミニウム (Al) 存在下で根から放出されることから、Al 耐性機構に関与することが示唆されている。一方、Al 誘導型の根からのカフェインの放出機構の解明には、根圏微生物の影響を排除するために無菌培養系を確立することが不可欠である。本研究では、チャの生育に及ぼすカフェインの影響を調査するとともに、無菌培養系の確立を目的とした。まず、カフェインを含むチャ標準水耕液でチャ‘やぶきた’を約50日間栽培し、生育量や化学成分を調査した。次に、茎頂および腋芽から植物体を誘導し、無菌的な試験管内挿し木を行った。チャにカフェインを施用した結果、低濃度処理区で白色根の生育増加傾向がみられたが、高濃度処理区では白色根の褐変と生育量減少などの過剰害がみられた。一方、腋芽から植物体の誘導に成功し、無菌的な試験管内挿し木法を確立した。

P-16

食中毒菌の毒素活性および産生に対するポリフェノール系既存食品添加物の抑制効果とその作用機序の解明

*1、平井央子 1、2、島村裕子 1、2、杉山由華、#1、2 増田修一

1 静岡県大・薬食生命、2 静岡県大・食品栄養

【目的】本研究では、抗菌成分によらない新規食中毒制御法の開発を目的に、黄色ブドウ球菌の毒素活性および産生に対するポリフェノール系既存食品添加物の抑制効果について

検討した。

【方法・結果】16種のポリフェノール系既存食品添加物は、抗菌活性を示さない濃度以下で各試験に供した。16試料中、4試料においてブドウ球菌エンテロトキシンA (SEA) と結合している可能性が示唆され、低濃度でSEAとの結合親和性が認められた2試料は、SEAの毒素活性抑制効果が認められた。さらに、これら2試料のSEAへの結合部位を検討したところ、いずれの試料も嘔吐活性発現部位に結合した。また、SEAと結合親和性が認められなかった5試料においては、SEA遺伝子の発現を有意に低下させた。これらの結果より、ポリフェノール系既存食品添加物は、食中毒菌の毒素活性または産生抑制効果を有し、新規食中毒制御法への利用・応用が期待される。

P-17

カリウム欠乏茶樹におけるセシウム吸収量の経時的変化

*1 鴨志田瑞穂, 2 小森菜帆, 1 森田明雄, #1 一家崇志

1 静大院農, 2 静大農

シロイヌナズナにおいて、セシウム (Cs) の輸送はカリウム (K) と同様の経路を通じて行われると報告されている。本研究では、K欠乏処理した水耕茶樹を用いて、K栄養条件に対するCs吸収量の変化を調査した。加えて、Cs輸送への関与が報告されているシロイヌナズナのK輸送体である *AtHAK5* と *AtCNGC1* について、チャにおける相同遺伝子 (*CsHAK5*, *CsCNGC1*) を Degenerate および RACE PCR 法により単離し、その発現量解析を行った。現在までに *CsHAK5* と *CsCNGC1* の部分塩基配列を獲得した。Cs処理区では茶樹のCs含量が経時的に増加しKの共存下で減少していたことから、Kとの競合が考えられた。また、Cs 40/K 0 ppm 処理区で *CsHAK5* 転写量が増加していたことから、*CsHAK5* が低K条件下でCs輸送に関与する可能性が示唆された。

P-18

グアニン四重鎖 DNA と RNA に選択的に結合するタンパク質の開発

*1 宮脇有沙、奥島彩子、高濱謙太郎、#2 大吉崇文

1 静岡大・院理・化学、2 静岡大・理・化学

染色体末端部のテロメアは高度にヘテロクロマチン化されており、がん化や寿命に関わることが知られている。テロメアはグアニン塩基豊富なDNAと TERRAによって構成され、それぞれグアニン四重鎖構造を形成することが知られているが、それぞれのグアニン

ン四重鎖の役割は不明のままである。当研究室 はこれまでにT L Sのアルギニン・グリシン・グリシン豊富なR G G領域中のチロシンとフェニルアラニンがそれぞれT E R R A、テロメアDNAとの結合に重 要であることを明らかにしている。そこで、R G G領域中のチロシンとフェニルアラニンを含む領域をそれぞれ欠損させたタンパク質を作成したところ、テロメ アDNAとT E R R Aに選択的に結合し、グアニン四重鎖を安定化することがわかった。さらに、ヒト細胞内においてもそれぞれテロメアDNAとT E R R Aに 選択的に結合し、過剰発現によりテロメアのヒストン修飾に影響を与えることを見出した。

P-19

TLSによるテロメアのクロマチン構造制御機構の解明

*1 早野貴大、2 宮脇有沙、#2 大吉崇文

1 静岡大・理・化学、2 静岡大・院理・化学

細胞のガン化や寿命に関わっている染色体末端構造であるテロメアは、DNA 局所構造であるグアニン四重鎖構造を形成することが知られている。また、TERRA もグアニン四重鎖構造を形成することが知られている。我々の研究室では、このグアニン四重鎖構造特異的にテロメアDNAとTERRAに結合するタンパク質であるTLSを見いだした。このTLSを細胞内で過剰発現させると、ヒストンH3及びヒストンH4のトリメチル化を促進することを示したが、過剰発現させているため本来細胞が持つTLSの性質を示していない可能性が考えられる。そこでTLSの発現を抑制し、内在性TLSのテロメアにおけるクロマチン構造に関わる機能を解析した。

TLSを発現抑制した細胞を用いてテロメアのH3及びH4のトリメチル化を解析した結果、TLSを抑制するとH4のトリメチル化が減少した。また、TERRAの転写量はTLSを抑制すると増大した。これらの結果から、内在性TLSはテロメアをヘテロクロマチン化させることが示唆された。

P-20

ラット肝上皮細胞株におけるCRISPR/Cas9法を用いた*Pdx1*遺伝子ノックアウト系の確立

末永 昂大、山内 仁史、*# 小池 亨

静岡大・理・生物

PDX1 は膵臓や十二指腸の発生と成体の膵 β 細胞の機能維持に関わる転写因子である。我々は最近、肝再生時に増生する肝前駆細胞が PDX1 を発現することを発見した。本研究では、*Pdx1* 遺伝子の肝前駆細胞での機能解析に向け、CRISPR/Cas9 (CC9) ゲノム編集技術を用いたラット肝前駆細胞様上皮細胞株 (WB-F344) での *Pdx1* 遺伝子のノックアウト (KO) を試みた。

Pdx1 遺伝子のコーディング領域上流部を標的とし、ダブルニッカーゼ (CC9-DN) 法にて indel 及び相同組換えによる遺伝子破壊を試みた。T7 エンドヌクレアーゼ I 解析による標的部位への indel の検出、及びターゲティングコンストラクト内の薬剤選択遺伝子での細胞選択と PCR 法での相同組換えの検出を行ったところ、いずれも陽性シグナルを検出した。以上、CC9-DN 法を用いて WB-F344 での *Pdx1* 遺伝子の破壊・改変が可能となった。

P-21

相互作用蛋白質の定量的大規模スクリーニング法の開発と評価

藺田拓実、伊藤圭祐、*河原崎泰昌

静岡県大・食・生物分子工学

疾病・老化を含むあらゆる生命現象において、蛋白質間相互作用は中心的な役割を担う。新たな蛋白質間相互作用の発見は、生命活動の理解だけでなく、病気の予防や治療のヒントにもつながる。このような背景から、大規模かつ定量的に相互作用蛋白質を探索できるスクリーニング法の確立が期待されている。このスクリーニング法は、容易かつ安価に実施できることが望ましい。我々は、高分泌型麹菌 β ガラクトシダーゼ (LacA3) をレポーター遺伝子とする組換え酵母株を開発し、これを相互作用スクリーニングに利用しようとしている。発表では、このレポーター遺伝子の特性のほか、ダイナミックレンジ、スクリーニング実施例とシステムの評価、効果的使用法について説明したい。今回、本スクリーニング法により新たに取得できた寿命延伸因子 TOR と強く相互作用する転写因子についても紹介する。

P-22

富栄養化を軽減する未知微生物の解析に向けた集積培養

*1 杉山和哉、2 田代陽介、#2 二又裕之

1 静岡大・工、2 静岡大・院工

閉鎖性水域の富栄養化改善策として微生物による硝化脱窒機能の利用が考えられる。硝化は窒素循環の中で律速段階であり、硝化活性の強化が必要不可欠であるが、硝化微生物

の実態は不明なままである。本研究では硝化微生物の解析のため、佐鳴湖底泥を接種源として Downflow Hanging Sponge Reactor (DHSR) リアクターによる硝化微生物の集積を目的とした。供給 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 濃度を 0.1 および 0.4 mM とした系 (それぞれ R-1 と R-2) を構築した。適時支持体であるスポンジから抽出した DNA を用い、アンモニア酸化酵素遺伝子 (*amoA*) を標的とした定量的 PCR を実施した結果、硝化アーキアおよびバクテリアの増加傾向が確認された。しかし、R-1 および R-2 で硝化特性が異なり、硝化に関わる微生物生態系が異なる可能性が推察された。現在、機能遺伝子の解析および硝化微生物の分離を進めている。

P-23

抗生物質リンコマイシンによる *Streptomyces* 属放線菌の二次代謝活性化機構の解析

*1 下野和真, 2 今井優, #3 保坂毅

1 信州大・農, 2 信州大院・総合工, 3 信州大・バイオメディカル

リンコマイシンは、原核生物のリボソーム 50S サブユニットに作用し、タンパク質合成を阻害する抗生物質である。最近我々は、最小生育阻止濃度の 1/200 ~ 1/3 のリンコマイシン存在下で *Streptomyces* 属放線菌を培養すると、同菌の二次代謝能が大幅に向上することを見出した。加えて、放線菌基準株 *S. coelicolor* A3(2) において、リンコマイシン存在下で ① F_0F_1 ATP 合成酵素の発現やネイティブ状態が変化すること、② 細胞内 ATP レベルが上昇すること、さらには、③ 23S rRNA メチル化酵素遺伝子の発現が上昇することも突き止めた。しかし、これらの現象が二次代謝能向上にどのように関与しているかは全く判っていないので、現在、そのことについて生化学・分子生物学的な面から種々の検討を進めている。本発表ではその最新情報を報告する。

P-24

微生物由来新規バイオマテリアルの物質科学的特性解析

*1 由井嵐士、#2 久保田博子、#3 鈴木溪、#2 餅原弘樹、細川拓也、田代陽介、二又裕之

1 静岡大・工、2 静岡大院・工、3 静岡大院・自然科学系教育部

微生物燃料電池 (MFC) は有機性廃棄物から直接電気を生産できる一方で、電気生産密度の低さが問題点の 1 つである。これまで本研究室において、MFC の電極由来の微生物群から生成された黒色物質 (BioMaterial : BM) は、MFC の大幅な電流密度の向上をもたらす他、蓄電能を有する事が確認されている。また、複合微生物系から嫌氣的に単離された HB 株およ

びKW株は、それぞれ電気化学的特性の異なるBMB（黒色）およびBMW（白色）を生成する。以上の知見からBMはMFC性能向上に大きく寄与すると考えられた。そこで本研究ではこれらBMの充放電機構解明を目的とした物質科学的解析を行った。X線回折法からBMBには複数のピークが現れ、Mackinawiteであると同定された。一方で複合微生物系由来のBMCおよびBMWは非晶質であり、エネルギー分散型X線解析からリンおよびチタンを主成分とすることが確認された。

P-25

TAF15の核酸結合性とテロメアにおける機能の解明

*1 奥島彩子・高濱健太郎・#大吉崇文

1 静岡大・院理・化学

ガン化や寿命に関わるテロメアは、テロメアDNAと、テロメアDNAから転写されたRNAであるTERRA、テロメア結合タンパクからなっている。TERRAは核酸局所構造であるグアニン四重鎖を形成しており、ヒストン3修飾を介したテロメアの安定化に関与していることが知られている。しかし、その機能とTERRAのグアニン四重鎖構造との関係には不明な点が多い。そこで本研究では、グアニン四重鎖に結合することが分かっているTLSのファミリータンパクであり、TERRA結合タンパクとして知られているTAF15に注目し、核酸結合性とテロメアにおける機能を解明する。

試験管内の実験で、TAF15はRGG3領域でTERRAにグアニン四重鎖特異的に結合した。また、TAF15によってTERRAがクラスターを形成する可能性が示唆された。細胞内の実験では、TAF15がテロメアのリシンのメチル化を抑制した。

P-26

グアニン四重鎖による転写制御機構の解明

*1 鈴木裕弥、2 小林拓哉、#1 大吉崇文

1 静岡大・院理・化学、2 静岡大・理・化学

ゲノム中のDNAは高度に凝縮しており、必要な時期に緩み、必要な量だけ遺伝子発現をすることが重要である。この制御にはDNAの局所構造であるグアニン四重鎖が関与していると考えられている。さまざまなガン遺伝子のプロモーターにはグアニン四重鎖を形成す

る配列が含まれており、この構造に結合するタンパク質により転写が制御されることが報告されている。さらに、ゲノム中の多くの転写制御領域中にグアニン四重鎖を形成する配列が見出されているが、制御機構について不明な点が多い。そこで、出芽酵母を用いて、プロモーター上流のグアニン四重鎖による転写への影響を調べた結果、グアニン四重鎖によって転写は活性化した。また、この活性は転写によって生じるスーパーコイルを解消するトポイソメラーゼによって制御されることがわかった。

P-27

大腸菌のバイオフィーム形成に関与する新規因子の探索

*1 永尾篤義、2 長谷川雄将、2 鈴木研志、2 犬塚友麻、2 二又裕之、#2 田代陽介
1 静岡大・工、2 静岡大院・工

多くの微生物は自然界において、固体表面に付着し増殖することによりバイオフィームを形成する。その構成成分として多糖やタンパク等の細胞外高分子化合物 (EPS) が挙げられ、水圏に存在する微生物の主要な EPS 構成成分の一つとしてアミロイドタンパクが知られている。しかしその遺伝子発現制御機構は非常に複雑で未解明な部分が多い。本研究では当タンパクを生産する大腸菌を用いてその新規制御因子の探索を行った。

本研究では総遺伝子数 4289 である大腸菌 K12 株の各遺伝子欠損株集団の計 4101 株、及び過剰発現株集団の計 4118 株を用いて 30°C と 37°C で解析を行い、各条件において EPS 生産に関与する遺伝子を網羅的に特定した。30°C で EPS 生産量が変化した遺伝子欠損株のうち、29 株のバイオフィーム形成に変化が見られ、そのうち 7 株がバイオフィーム形成に関連の報告がない遺伝子であった。さらに、アミロイドタンパク発現を正に制御する新規転写制御因子を特定した。

P-28

テロメア集合を介した動原体構造制御機構の解明

*1 勝俣和大、1 平安亜美、1 建穂一樹、2 和久田愛理、2 市川絢登、2 三好純平、#1, 2 山本歩
1 静岡大・院理・化学、2 静岡大・理・化学

減数分裂における相同染色体の分配には、姉妹染色分体の動原体が融合し、一方向を向

いて形成されることが必要である。しかし、この減数分裂における動原体の構造制御機構は多くが未解明である。分裂酵母では動原体の構造変換時に動原体が一時的に崩壊し、セントロメアが中心体から離れる。一方このとき、テロメアが中心体に集合して相同染色体の対合を促進する。我々はテロメア集合が動原体の崩壊を制御することを見出した。さらにテロメア結合因子である Taz1 が中心体に局在することが動原体の構造制御に関与すること、及びこの制御が分裂時のスピンドル形成に関与することを見出した。これらの結果は、テロメア集合による動原体構造制御は相同染色体の正確な分配に必須であることを示していると考えられた。

P-29

クロロエテン類の効率的脱塩素化に向けた種間水素伝達系の解析

*1 岸本 亮太、2 田代 陽介、#2 二又 裕之

1 静岡大・工、2 静岡大院・工

クロロエテン類は難分解性の地下水帯汚染物質であり、それらの分解菌として *Dehalococcoides* 属細菌が知られている。メタン生成アーキアとの水素や酢酸を巡る競合により脱塩素化反応が阻害されることから、効率的な脱塩素化を可能とする種間水素伝達系の解明を本研究の目的とした。

トリクロロエテンが 50 日で完全に脱塩素化される集積培養物において、酢酸の消費に伴いビニルクロライドの脱塩素化及びメタン生成が行われていた。このことから、*Dehalococcoides*、水素資化性メタン生成アーキア及び嫌氣的酢酸酸化細菌が共存し、種間水素伝達により効率的に脱塩素化が行われていると考えられた。実際にこれらの微生物の単離を試みた結果、*Trichococcus* sp. CY-b32 株に 97%の相同性を示す嫌氣的酢酸酸化細菌が単離された。今後は各菌株の単離を行い、種間水素伝達系の詳細を解析する。

P-30

近赤外光スペクトロスコープ（NIRS）／脳波（EEG）を用いたダーツ投擲時の脳機能解析

*池谷直哉、鈴木陵太、#奥村哲

静岡理工科大・総合情報・人間情報デザイン

ダーツ投擲時の脳機能を NIRS 及び EEG を使用し、計測・解析を行った。各試行は、開始から 10 秒待機→実験者の合図→15 秒の投擲動作を 3 回繰り返して終了とした。実験課題は、的とダーツを使用しない体動だけの課題、的に集中し動作も行うがダーツは持たない

非投課題、実際に投擲を行う実投課題、架空の対戦相手と対戦する課題の4つとした。NIRSでは全ての被験者の脳血流量に、各課題間のデータの比較で有意な変化が認められたが、個人ごとの脳血流量の変化に一定のパターンは見いだせなかった。EEGでは α 波と β 波のパワー比を求めた。その結果、個人差はあるものの、課題における脳波の遷移パターンは一定の傾向を持つ場合が多かった。一部のデータは一昨年の弓道行射時などのデータと比較した。さらにデータ数を増やし個人ごとに最もパフォーマンスを発揮できる脳活動パターンを見いだせれば、ダーツ競技の成績向上にバイオフィードバック訓練を活用できるだろう。

P-31

変性タンパク質ストレスによる TORC1 及びオートファジーの影響

須田 一毅

静岡大・理・生物

変性タンパク質凝集体の蓄積は細胞の機能を損ない、ひいては細胞死をもたらす。タンパク質凝集体はオートファジーにより液胞（リソソーム）内に運ばれ分解除去される。しかし、タンパク質凝集体がオートファジーを誘導するかは不明である。本発表で、我々はお芽酵母を用いて変性タンパク質がオートファジーを誘導することを報告する。変性タンパク質を特異的に生じさせるプロリン類似化合物である azetidine 2-carboxylic acid (AZC) を用いた。お芽酵母への AZC 添加によりオートファジーが緩やかに誘導された。TORC1 の直接の基質である Sch9 のリン酸化の変化から、AZC 添加後に TORC1 の活性低下が起こることが示唆された。また、TORC1 にもリン酸化される Atg13 でも AZC 処理後徐々に脱リン酸化された。以上の結果から、我々は、変性タンパク質の凝集体形成がシグナルとなり TORC1 の活性低下を招き、オートファジーが誘導されるという作業仮説を立てた。より詳細の解析も含め発表する。

P-32

赤・遠赤色光スイッチ型 cAMP 合成酵素の開発

*1 伏見圭司、2 榎本元、2 池内昌彦、#1、3 成川礼

1 静岡大・理学部、2 東京大・教養学部、3 JST さきがけ

光は、時間的・空間的な分解能が高く、「波長」と「強度」の2つのパラメーターを制御できるツールである。この様な利点から、近年、光受容体となるタンパク質を遺伝学的な

手法で特定の細胞や組織に発現させ、光操作により生物活性を制御する光遺伝学（オプトジェネティクス）が急速に発展している。シアノバクテリアにおいて、シアノバクテリオクロム（CBCRs）と呼ばれる光受容体は、ビリリン色素を結合する GAF ドメインをもつ。一方、シアノバクテリアに由来するアデニル酸シクラーゼ CyaB1 は、GAF/GAF/PAS/CYCc のドメインで構成されている。本研究では、CyaB1 をもとに、様々な CBCRs の GAF ドメインに置き換えたキメラタンパク質を作製し、遠赤色光または赤色光でアデニル酸シクラーゼ活性を制御することに成功した。現在、GAF ドメインやリンカー領域の改変を行うことで、より高性能の遠赤色光または赤色光スイッチ型 cAMP 合成酵素の創出を試みている。

P-33

PP2A phosphatase regulates autophagy in budding yeast

Mst. Yeasmin Akter

GSST, Shizuoka University, Biological bScience

In budding yeast *Saccharomyces cerevisiae*, target of rapamycin complex1 (TORC1) phosphorylates autophagy-related Atg13 and represses autophagy under nutrient-rich conditions, but when TORC1 becomes inactive upon nutrient depletion or treatment of the TORC1 inhibitor rapamycin, Atg13 dephosphorylation rapidly occurs and autophagy is induced. However, phosphatases involved in the Atg13 dephosphorylation remain unknown. Here we show that two different PP2A phosphatases, PP2A-Cdc55 and PP2A-Rts1, which are activated by TORC1 inactivation, promote efficient Atg13 dephosphorylation and autophagy after TORC1 inactivation in budding yeast. After rapamycin treatment, dephosphorylation of Atg13, interaction of Atg13 with Atg17, but not with Atg1, activation of Atg1 kinase, assembly of the pre-autophagosomal structure (PAS), and autophagy induction are all impaired in PP2A-deficient cells. This study reveals that the orchestrated action of PP2A antagonizes Atg13 phosphorylation and promotes autophagy after TORC1 inactivation.

P-34

Screening protein phosphatases involved in starvation induced PAS organization in budding yeast

Muhammad Waliullah Talukdar

GSST, Shizuoka University, Biological Science

The pre-autophagosomal structure (PAS) proximal to the vacuole is a putative site for autophagosome formation in budding yeast. Target of rapamycin complex 1 (TORC1)

kinase represses PAS formation and autophagy under nutrient-rich conditions, but upon nutrient depletion or rapamycin treatment, TORC1 becomes inactive, inducing PAS formation and autophagy. However, how PAS formation is regulated by protein phosphatases is largely unknown. Here, we show that various protein phosphatases are required for efficient PAS formation after rapamycin treatment. Especially, Pph22, Pph3, and Yvh1 were critical for rapamycin-induced PAS formation. Atg13 dephosphorylation after rapamycin treatment was insufficient in *yvh1Δ*. The Atg13 mutant non-phosphorylatable by TORC1 restored induction of PAS formation in this mutant. These findings demonstrate that Yvh1 promotes Atg13 dephosphorylation and PAS formation after the inactivation of TORC1.

P-35

べにふうき緑茶および生姜を用いた脂肪蓄積抑制効果の相乗・拮抗作用の検

*1 福原泰斗、1 水野友貴、1 松下智紀、2 茶山和敏、3 上村慎子、4 下位香代子#1 竹下温子
1 静岡大・教育・消費生活 2 静岡大・院農・応用生物 3 静岡県・工技研究所 4 静岡県立大・食品・環境

生姜および緑茶は多くの効能が報告され、共通する機能性に脂肪蓄積抑制効果がある。同じ効能を持つ食品成分の共存によって相乗・拮抗作用が生じると報告されており、昨年我々は、緑茶と生姜における脂肪蓄積抑制効果について、*in vivo*、*in vitro*から相乗・拮抗作用を検討し、*in vitro*ではリパーゼ活性を茶、生姜が有意に減少させたが、茶+生姜では有意に減少せず拮抗作用が生じ、*in vivo*では、血清・肝臓中の脂質量が茶+生姜で有意に減少したと報告した。しかし、昨年の *in vitro* 実験では TLG を用いた簡易的な方法であったため、本年度は銅試薬法を用いて詳細な検討を行い、さらに、*in vivo*では肝臓や脂質中の SREBP-1、FAS、UCP2、MCAD の遺伝子発現について検討した。その結果、生姜および緑茶の脂肪蓄積抑制効果の作用機序について新たな知見を得たので報告する。

P-36

肝臓特異的 *Hhex* 遺伝子欠失マウス肝臓における嚢胞発生と Wnt シグナル

1 上野 友也、*1 福地 智一、2 鈴木 淳史、3 山本 太一、3 野口 民夫、1 小池 亨、1 塩尻 信義
1 静岡大・理・生物、2 九州大学・生体防御医学研究所・細胞機能制御学部門、3 大阪大谷大学・薬学部・薬学科

転写因子 *Hhex* (hematopoietically expressed homeobox) はホメオボックスファミリーのひとつで、肝臓を始めとする臓器の正常な発生に深くかかわっており、*Hhex* 遺伝子をノック

クアウトしたマウスは胎生 9.5 日から 11.5 日で器官形成不全により死亡することが知られている。また、*Hhex* を肝臓特異的に欠失させたマウス肝臓においては、多嚢胞性肝疾患に類似した変異や偽腺管と呼ばれる管腔構造が多数形成されることが観察されている。

Hhex は Wnt 下流の Tle ファミリーのタンパクと相互作用することが知られている。このことから *Hhex* が Wnt シグナルを介して肝臓の正常な発生を制御している可能性は高いと考えられる。そこで、本研究では *Hhex* 欠失による肝臓組織の変異について特に Wnt シグナル系に着目して遺伝子発現解析を行い、嚢胞発生のメカニズムを明らかにすることを目的とした。

P-37

環境保全型生物的防除に関わる寄生蜂による未経験の寄主ハビタット植物由来の探索キューに対する応答性の獲得

竹本裕之

静岡大学技術部

環境保全型生物的防除においては、天敵生物を周辺環境から作物圃場へ効率的に導入することが重要課題である。天敵寄生蜂による寄主探索には嗅覚や視覚による手がかり（キュー）に対する応答性が関与しており、成育した植物と寄主の系由来のキューに対する応答性が経験によって獲得される報告がある。しかし周辺環境から圃場への導入を考える上では、成育した系と異なる未経験の系に対する応答性の獲得過程を明らかにする必要がある。風洞実験における天敵寄生蜂ギフアブラバチ雌成虫の飛翔応答の割合は、成育した系であるコムギ株上での寄主への産卵経験によって、未経験の系である未被害ソラマメ株に対しても高まった。さらに産卵経験までに未被害コムギ株上におかれた場合ではアブラムシ被害ソラマメ株に対する応答も高まった。これらの結果から未経験の系由来のキューに対する応答性の強化には必ずしもその系における経験が必要ではないことが示された。

P-38

出芽酵母 Pph3 フォスファターゼの新規テロメア付加修復における機能の解析

・小池直暉、後藤晃兵、#丑丸敬史

静岡大・理・生物

ダメージを受けた DNA がもし正しく修復されないと変異を生じて細胞死やがん化につながる。DNA に二重鎖切断が生じると、通常は DNA repair center で homologous recombination もしくは non-homologous end-joining により修復される。しかし、これら

の経路での修復が困難な場合には、核膜上で切断部位に新たにテロメアを付加して傷口をふさぐという新規テロメア付加修復 (de novo telomere addition; DNTA) という経路による修復が行われることが出芽酵母で発見された。しかし、DNTA 修復は染色体の分断、喪失を招くため、DNA 修復における最終手段と考えられており、この修復活性がどのように制御されているのかは不明である。以前、当研究室では出芽酵母 Pph3 フォスファターゼが DNA ダメージによって、DNTA センターに集積することを見出した。本研究は、Pph3 の DNTA における機能解析を更に進めた。

P-39

減数分裂の進行と染色体分配におけるオートファジーの役割

*1 松原央達、#1、2 山本歩

1 静岡大・創造・バイオ、2 静岡大・理・化

オートファジーは細胞内のタンパク質やオルガネラを分解する機構で、アミノ酸などのリサイクルを行い、低栄養状態での細胞の生存に重要である。ヒトでも様々な病気や老化、がん化などへの関与が指摘されているが、オートファジーがどのように関わるかは未解明な部分が多い。酵母ではオートファジーは減数分裂の開始に重要であることが知られているが、我々の研究において減数分裂における染色体分配異常変異株のスクリーニングによりオートファジー変異株が取得されたため、減数分裂の進行中におけるオートファジー欠損の影響について詳細に解析した。解析の結果から、オートファジーは、減数分裂の進行にも重要であり、また、染色体分配に必須な因子であるオーロラキナーゼの働きを負に制御することで染色体分配異常を抑制していると考えられた。こうした結果から、オートファジーは染色体数異常を原因とする病気などに関与している可能性が考えられる。

P-40

茶園土壌からの酸性・アルミニウムイオン耐性の微生物の探索

藤田大貴、齋藤明広

静岡理工大・理工・物質生命

茶園土壌に棲む、酸性およびアルミニウムイオンに耐性を持つ微生物の力で土壌の中性化を図ることを目的として、牧之原市および袋井市の茶園土壌から、32 株の酸・Al 耐性微生物を分離した。分離した 32 株の 16S rRNA 遺伝子または 18S rRNA 遺伝子の部分塩基配列を決定した結果、27 株が *Burkholderia* 属細菌、3 株が *Acidoceella* 属細菌、2 株が

Cryptococcus 属 真菌に近縁であることがわかった。また、これら 32 株のすべてが pH 上昇をもつことが寒天培地試験で明らかになった。一方、分離株のうち 5 株について、水分を調整した茶園土壌 5g に添加し、30°C で培養して数日おきに土壌の pH を測定した。その結果、微生物を接種した土壌よりも微生物無接種の土壌の方が pH は高かったことから、単に微生物を土壌に接種しただけでは pH は上昇しないことがわかった。一方、栄養源として LB 液体培地を添加した際には、わずかながらも pH の上昇がみられたことから、何らかの栄養源を添加することで pH が上昇する可能性を見出した。

ポスター 高校の部

P-H1

色素測定法の確立と Plant Senescence による葉色研究法の開発

1 澤田真緒、井上凌輔、石原愛梨、酒井僚也、2 鈴木杏彩

1 学校法人静岡理工科大学静岡北高等学校・科学部植物班葉色チーム、2 研究班顧問

本研究は吸光度法による葉色研究法を確立し、葉色変化はどのような色素がどのように量的変化をすることにより起こるのかを調査した。さらに、最も葉色を変化させる現象を人工的に再現するため Plant Senescence が利用可能であるか検証し、葉色変化の要因、現象、メカニズムを解明することを目的とした。光合成色素の測定には数多くの方法があるが、初期費用が安く、安全で安定したデータが得られる点を重要視し吸光度法を採用、抽出法及び定量法を確立した。さらに季節を問わない葉色研究法を開発するため通常動物実験で用いる Senescence を植物に用いることで葉色変化の時間短縮が可能であることを明らかにした。さらに、Plant Senescence を利用し、葉色変化の要因、現象、メカニズムを解明する基礎研究を行い、Antho. 合成には長時間日光が当たることが条件として含まれることがわかった。

P-H2

新たな土壌浄化法の提案 - 不定根を利用した塩害ファイトアキュミュレーション基礎研究

-

1 福嶋健士郎、安達黎也、宮本慧真、2 鈴木杏彩

1 学校法人静岡理工科大学静岡北高等学校・科学部植物班不定根チーム、2 研究班顧問

植物は負傷、水不足など物理的・環境ストレス等を与えられると茎葉部から根を発生させることがあり、これを不定根という。この不定根を利用し、塩害ファイトアキュミュレーションができないかと考え基礎研究を開始した。まず、不定根、種子根及び主根の形態形成と物理的特性を比較した後、NaCl 濃度に対する植物応答を確認した。その結果、不定根と種子根及び主根の形態形成は類似しており、そのはたらきも同様であると考えられた。物理的特性では不定根と種子根及び主根で違いがみられた。塩害ファイトアキュミュレーションでは各植物における NaCl に対する吸塩性及び耐塩性を評価することができた。

P-H3

ユウゲシヨウ (*Oenothera rosea*) の分布拡大について

小野田愛梨・小湊樹

静岡県立磐田南高等学校・理数科

熱帯アメリカ原産の外来種、ユウゲシヨウ (*Oenothera rosea*) が近年国内で分布を広げているらしく、本校の敷地内でも2か所で生育が確認された。私たちは2014年8月から課題研究のテーマとして、その実態の把握と分布拡大の原因を探求している。今回はこれまでにわかったことを発表する。ユウゲシヨウの種子は小さくて軽く、種子表面に長さ5 μ mほどの微細な突起を多数持っている。撥水効果を持つこの表面構造は、雨水散布されるこの種子の適応と考えられる。また実験により、種子の発芽時に湿潤な条件が必要であることが分かった。これらのことから、ユウゲシヨウの分布拡大には降水量が関係していると考え、過去40年間の月別降水量を調べた。すると、種子の発芽適期と見なされる月の降水量に増加傾向が見られた。文献やインターネットの調査により、私たちはユウゲシヨウが北進を続けていると考えているが、その原因の一つが降水量の増加であることが示唆された。

P-H4

花卉表皮に突起を持たないキキョウの研究

澤 康一・鈴木萌絵・山本珠永

静岡県立磐田南高等学校・生物部

被子植物の8割は、花卉表皮に円錐状突起を持つこと、それにより花の色を深め昆虫をより効果的に呼び寄せることが知られている。本校では過去の走査型電子顕微鏡実習において偶然、キキョウ科のキキョウ (*Platycodon grandiflorus*) の花卉にそのような突起が無いことを発見した。そこで、「キキョウの花は昆虫を呼べるのか。呼べるとしたら花卉のどのような要因が昆虫を引きつけるのか」と「そもそも、何故突起を持たないのか」という2つの疑問を持ち、それを探求してきた。野外観察によりキキョウにはハチ類の他甲虫類や蝶・蛾が訪れることがわかったため、キキョウの昆虫に対する視覚的な刺激が昆虫類を引きつけるのではないかと考えて、それを検証するための観察を続けてきた。もう一つの疑問については、大学の協力を得て、キキョウの蕾から発見した、花卉表皮に突起を形成させることが知られている MIXTA 類似遺伝子 (MYB 転写因ファミリー) を解読し、分子系統樹を作成し解析した。

P-H5

様々な性質を持つ波刺激を与えた時の酵母のストレス応答と活性化について

福地司、中西利樹、野田拓

静岡北高等学校

酵母菌は、古来より人類が酒やパン等を作るために世界各地で利用されてきた身近で有益な微生物である。この酵母菌の活性化を行うために有効な刺激を発見することを目的として本研究を始めた。活性化の可能性を考える上で近縁である菌類の増産などに有効であるとされている事象を調べ「波」が菌類等の真核細胞の活性化の要因になる可能性が高いことが分かり様々な波刺激を酵母菌に与えることにした。今回、本研究ではドライイースト市販を使い、音振動や電気パルス、紫外線 (UV-C)、光の 4 つの波刺激を与えコロニーの面積増加率に着目し、対照実験の面積増加率より大きいときに活性化したと定義し各刺激における面積増加率を調べた結果、活性化したと判断出来たのは、紫外線 (UV-C) と光であった。今後、周波数を特定し明確に表すことが必要と考えている。また、他の菌類で実用化されている音振動や電気刺激等で酵母の活性化を検証したい。

P-H6

植物に生息する微生物群集について 酵母菌を中心として

瀧幸佑、高月稜、中川瞭

静岡北高等学校 科学部

私達は、周囲に多くの菌類がいるにもかかわらず、身近な植物から抽出した天然酵母を含め、利用されている酵母菌が現在 [*Saccharomyces cerevisiae*] 1種とされていることを知り、利用している酵母は何種にもわたっているのではないかという疑問を持った。このため植物上に微生物がどのような群集を作っているか、身近な農作物 19 種類に生息する微生物群集が、植物の種類、産地、体の器官、糖度等の違いによって変化があるかを調べた。その結果、植物の種類によって生息する微生物の構成が異なるだけでなく、植物の体の器官や産地でも構成する微生物の種、コロニーの形態に違いが見られ、豊かな多様性を有していた。また果物と野菜を比較した結果、糖度に関係なく野菜には酵母菌がほとんど生息しないことがわかり、酵母菌に対する成長阻害物質の存在を示唆した。今後は、微生物の種の特定をし、野菜になぜ酵母菌が生息しなかったか調べる必要があると考える。

P-H7

mtDNA 解析によるゲンジボタル地域差 II

*小野僚子、*森下奈緒、*吉川種乃、#*良知亜里紗

掛川西高校自然科学部

私たちは、mtDNA を用いた静岡県内のゲンジボタルの分布境界調査を行っている。昨年の研究から、分布境界は函南と岡部の間に存在するのではないかということが分かった。今年、伊豆半島内のゲンジボタルの分布を調べることと、高校内でのプロトコル確立を目的とし、分布調査を続けることにした。

今年、伊豆市土肥、沼津市戸田からゲンジボタルを採集し、学校内で PCR 法により増幅を行い、DNA を解析した。この結果、土肥、戸田は東日本型の遺伝子を持つことがわかった。また、同時に実験を行っていた掛川市倉真の一個体から、mtDNA のヘテロプラスミー状態が確認できた。ヘテロプラスミーは、自然状態ではほとんど見つからないといわれる。この後も倉真近辺のゲンジボタルを DNA 解析しているが、ヘテロプラスミーは確認できていない。

今後は、静岡県内の分布境界を更に明らかにするとともに、今回発見されたヘテロプラスミーについての研究を深めていきたい。

P-H8

静岡県遠州南部地域のクマムシ調査

* 村松万里、* 寺阪聡志、* 加藤隆文、* 佐藤茂樹

掛川西高校自然科学部

私たちは、2013年9月初旬に小笠山でのクマムシ類の分布を調査した。また、2012年の学校周辺の調査から冬期にクマムシ類が減少しているという結果を得ている。この現象を確認するために、2013年11月にも調査を行った。これらの調査から、小笠山の周辺21地点中13地点でクマムシ類を確認することができた。小笠山とその周辺にはほぼ全域でクマムシ類が生息していると言えるだろう。11月の調査から13地点中8地点で個体数の減少が見られた。クマムシ類の個体数は夏から冬にかけて減少することも確認できた。さらに、これまでクマムシ類はギンゴケのみから観察されていたが、2013年の調査ではアオハイゴケとヒジキゴケからもクマムシを観察することができた。

P-H9

シイタケの菌糸成長を促進する食材の探索

大澤研斗、望月健次、堀池愁、小沼侑司

静岡県立科学技術高校・自然科学部

本校自然科学部では、おがくず菌床でのシイタケ子実体形成と菌糸成長に関する研究を行っており、特に栽培期間短縮するための条件検討を進めている。本研究では、様々な食材の水溶性抽出物が菌糸成長に与える影響に注目し、菌類の培養に一般的に使用されている PDA (Potato Dextrose Agar) 培地に含まれているジャガイモより成長促進効果のある食材を探索することを目的とした。今回、サツマイモ、煮干、豚肉、米ぬか、のり、精米、コンブの水抽出液を用いて寒天培地を作成し、菌糸の広がりを計測した。その結果サツマイモ培地が最も成長が良かった。一方、豚肉、煮干培地は菌糸伸展開始が著しく遅れた。食品成分表を参照し、菌糸の成長と各食材の成分を調べたところ、主としてタンパク質及び炭水化物含量と相関があることが分かった。今後はこれらの知見に基づいて実際にシイタケ栽培期間を短縮できるか試みたい。

P-H10

高校生の自意識と性格特性の関連

*1, 2 澤口夏未、2, 3 小川侑祐、#2, 3 竹内浩昭

1 静岡雙葉高校、2 静岡サイエンススクール、3 静岡大・理・生物

ヒトの自意識と性格特性の関係を調べるために、アンケート調査を実施した。ヒトの自己に向けられる意識は私的自意識と公的自意識があるとする自意識尺度により公的自意識を数値化した。また、ヒトの性格は情緒不安定性・外向性・開放性・調和性・誠実性の5因子に集約されるという仮説に基づく BigFive アンケートにより性格特性を数値化した。高校生を対象としたアンケート結果から公的自意識と性格5因子の相関および性差を調べ、公的自意識に関連する性格特性を推定した。

公的自意識との相関は、外向性、情緒不安定性、開放性が正の相関を示し、誠実性が負の相関を示した。また、外向性、情緒不安定性、調和性に男性>女性の性差が認められた。以上のことから、公的自意識の高い高校生は誠実性が低く、外向性・情緒不安定性・開放性が高いという性格特性を持ち、外向性・情緒不安定性・調和性は男性の方が女性よりも高い可能性が考えられる。

P-H11

ヒヨコの衝動性と多動性に及ぼす人工着色料の影響

*1, 2 鈴木萌、*1, 2 堀井まりん、2, 3 山本彩奈、#2, 3 竹内浩昭

1 静岡雙葉高校、2 静岡サイエンススクール、3 静岡大・理・生物

ADHD とは多動性、不注意、衝動性を症状の特徴とする発達障害もしくは行動障害である。ADHD 発症原因として、遺伝的要因の他に人工着色料の影響も示唆されているが関連性の証明は不十分である。そこで、人工着色料としてタートラジン（黄色 4 号）を含む餌を与えたニワトリヒヨコで、衝動性テストとオープンフィールドテストを実施し、衝動性・多動性に及ぼす人工着色料の影響を調べた。

衝動性テストでは、オペラントトレーニング後に衝動性を測定した結果、タートラジンを与えた実験群の衝動性は対照群より有意に高かった。オープンフィールドテストでは、地鳴き（不安）、つつき（攻撃性）、歩数（多動性）を計測した結果、実験群と対照群に有意差がみられなかった。これらの結果から、タートラジンは衝動性を亢進するものの、多動性を誘起しないと考えられる。今後は、他にも何か衝動性や多動性に影響を及ぼす食材があるかどうか研究していきたい。

P-H12

竹 1 本からとれる糖の量の測定

小林祐一郎 服部連 望月啓吾 永井元基 中山陸

県立科学技術高等学校 自然科学部

県立科学技術高等学校自然科学部では、学校北側の放置竹林の竹を用いて、バイオエタノールを作ろうと昨年度より実験を始めた。昨年度は、竹が山斜面に生えた状態で、竹の一部を計測することで、竹 1 本の全体の高さ、重量が求められないかと、計算式を考えた。本年度は、竹 1 本から、バイオエタノールのもととなる糖がどれくらいとれるのか算出しようと考えた。その値が正確に求められれば、そこからさらにアルコール発酵させてできるエタノール量のおおよその推定もできると考えたからである。竹を粉碎、高温・高圧処理、酵素処理により糖にまで分解し、フェノール硫酸法、ソモギー変法の 2 種の方法により糖の定量を行うことで、分解反応の進行度合いを調べ、より多く糖を取り出し、正確にその値を算出しようと試みた。

P-H13

枯れ松葉を循環資源にするための研究

柚木みなみ 増田彩香 望月桃子

静岡県立静岡農業高等学校 松葉研究班

現在、三保松原では、松枯れが問題となっており、放置された枯れ松葉が土壌の扶養化をまねき更なる松枯れを起こしていると考えられる。枯れ松葉は、清掃 除去しても廃棄に多くの費用が必要となる為、逆に枯れ松葉の有用性を見つけ出し、その効果を最大限活かした製品を作り出し、活用することで廃棄物とされている枯れ松葉を循環資源として地域活性に役立つのではないかと考え枯れ松葉の効果の分析を行った。昨年度までに、高い抗酸化作用を見つけ出している為、生活習慣病を予防できる可能性を考え、血管への効果について研究を行った。

P-H14

ゲンジボタル明滅周期の変化と地域差

松下 保男

静岡県立掛川西高校 教諭

ゲンジボタル *Luciola cruciata* は日本固有種で本州・四国・九州に生息する大型の水生ホタルである。発光は4秒周期型 (slow flashing type) と2秒周期型 (fast flashing type) に分けるとされてきた。1994年から気温と発光周期の変化に着目して、鹿児島県から岩手県まで観察調査を進めてきた。これによると、滋賀県から愛知県・新潟県にかけて連続した明滅周期の変化が観察されている。また、滋賀県米原市・静岡県御前崎市の交配雑種 (F1) が両者の中間的周期を示した。さらに九州では独特の発光周期が観察されている。

一方、2002年ミトコンドリア (COII) DNA解析から、フォッサマグナ周辺で大きな違いが見られているという報告があった。明滅周期の調査でも静岡県沼津市・長野県軽井沢町・新潟県村上市を境界にして変化が見られているが、掛川西高校生徒のDNA解析結果とは微妙に異なっている。

● 静岡生命科学若手フォーラム・メンバー名簿（2015年2月現在） ●

小池 亨（代表）

静岡大学大学院理学研究科生物科学専攻
054-238-4314
stkoike@ipc.shizuoka.ac.jp

栗井 光一郎（副代表）

静岡大学大学院理学研究科生物科学専攻
054-238-3339
dkawai@ipc.shizuoka.ac.jp

一家 崇志（副代表）

静岡大学大学院農学研究科応用生物化学専攻
054-238-6745
atikka@ipc.shizuoka.ac.jp

奥村 哲（副代表）

静岡理工科大学総合情報学部
0538-45-0210
tetsuok-tmd@umin.ac.jp

河原崎 泰昌（副代表）

静岡県立大学食品栄養科学部
054-264-5540
kawarsky@u-shizuoka-ken.ac.jp

木村 浩之（会計）

静岡大学大学院理学研究科地球科学専攻
054-238-4784
shkimur@ipc.shizuoka.ac.jp

竹下 温子（書記）

静岡大学教育学部家政教育講座
054-238-4685
Ehtakes@sipc.shizuoka.ac.jp

伊藤 創平（広報）

静岡県立大大学院生活健康科学研究科
054-264-5578
itosohei@u-shizuoka-ken.ac.jp

大吉 崇文（広報）

静岡大学大学院理学研究科化学専攻
054-238-4760
stohyos@ipc.shizuoka.ac.jp

小谷 真也（広報）

静岡大学創造科学技術大学院
054-238-3037
askodan@ipc.shizuoka.ac.jp

日野 真吾（広報）

静岡大学大学院農学研究科応用生物化学専攻
054-238-4820
ashino@ipc.shizuoka.ac.jp

茶山 和敏（庶務）

静岡大学大学院農学研究科応用生物化学専攻
054-238-4865
acksaya@ipc.shizuoka.ac.jp

丑丸 敬史 (庶務)

静岡大学大学院理学研究科生物科学専攻
054-238-4772
sbtushi@ipc.shizuoka.ac.jp

山本 歩 (庶務)

静岡大学大学院理学研究科化学専攻
054-238-4762
sayamam@ipc.shizuoka.ac.jp

田上 陽介 (庶務)

静岡大学大学院農学研究科共生バイオサイエンス専攻
054-238-4825
tagamiy@gmail.com

道羅 英夫 (ML・HP 管理)

静岡大学遺伝子実験施設
054-238-6354
gihdour@ipc.shizuoka.ac.jp

堀池 徳祐 (ML・HP 管理)

静岡大学大学院農学研究科共生バイオサイエンス専攻
054-238-3083
horiike.tokumasa@shizuoka.ac.jp

雪田 聡 (ML・HP 管理)

静岡大学教育学部理科教育講座
054-238-4304
eayukit@ipc.shizuoka.ac.jp

竹内 浩昭 (ML・HP 管理)

静岡大学大学院理学研究科生物科学専攻
054-238-4773
htakeuchi-ns@umin.ac.jp

天野 豊己

静岡大学大学院理学研究科生物科学専攻
054-238-7069
sbtaman@ipc.shizuoka.ac.jp

新井 英一

静岡県立大学食品栄養科学部
054-264-5511
arai@u-shizuoka-ken.ac.jp

石井 剛志

静岡県立大学食品栄養科学部
054-264-5525
ishii_t@u-shizuoka-ken.ac.jp

石原 顕紀

静岡大学大学院理学研究科生物科学専攻
054-238-4964
saishih@ipc.shizuoka.ac.jp

安部 淳

神奈川大学理学部生物学科
0463-59-4111
abejun-bio@kanagawa-u.ac.jp

瓜谷 眞裕

静岡大学大学院理学研究科化学専攻
054-238-4761
scmurit@ipc.shizuoka.ac.jp

海野 けい子

静岡県立大学薬学部
054-264-5700
unno@u-shizuoka-ken.ac.jp

岡田 令子

静岡大学創造科学技術大学院
054-238-3091
drokada@ipc.shizuoka.ac.jp

大西 利幸

静岡大学創造科学技術大学院
054-238-3082
dtonish@ipc.shizuoka.ac.jp

加藤 雅也

静岡大学大学院農学研究科共生バイオサイエンス専攻
054-238-4830
amkato@ipc.shizuoka.ac.jp

加藤 竜也

静岡大学大学院農学研究科応用生物化学専攻
054-238-4937
atkato@ipc.shizuoka.ac.jp

金田 一秀

静岡英和学院大学短期大学部食物学科
054-264-9479
kaneda@shizuoka-eiwa.ac.jp

河合 真吾

静岡大学大学院農学研究科環境森林科学科
054-238-4851
askawai@ipc.shizuoka.ac.jp

黒田 裕樹

慶應義塾大学環境情報学部
0466-49-3508
hkuroda@sfc.keio.ac.jp

切岩 祥和

静岡大学大学院農学研究科共生バイオサイエンス専攻
054-238-4629
akykiri@ipc.shizuoka.ac.jp

熊澤 茂則

静岡県立大学食品栄養科学部
054-264-5523
kumazawa@smail.u-shizuoka-ken.ac.jp

小池 聡

北海道大学農学研究院
011-706-2812
skoike7@anim.agr.hokudai.ac.jp

木寄 暁子

静岡大学大学院理学研究科生物科学専攻
054-238-4957
sakozak@ipc.shizuoka.ac.jp

小堀 康博

神戸大学大学院理学研究科化学専攻
078-803-6548
ykobori@kitty.kobe-u.ac.jp

榊原 啓之

静岡県立大学環境科学研究所
054-264-5792
hiroyuki@u-shizuoka-ken.ac.jp

鮫島 玲子

静岡大学大学院農学研究科共生バイオサイエンス専攻
054-238-4874
arsames@ipc.shizuoka.ac.jp

鈴木 雅一

静岡大学大学院理学研究科生物科学専攻
054-238-4769
sbmsuzu@ipc.shizuoka.ac.jp

宗林 留美

静岡大学大学院理学研究科地球科学専攻
054-238-4934
srsohri@ipc.shizuoka.ac.jp

高林 ふみ代

静岡県立大学短期大学部
054-202-2628
tkbys@bambi.t.u-shizuoka-ken.ac.jp

高林 秀次

浜松医科大学附属動物実験施設
053-435-2219
shuji@hama-med.ac.jp

徳岡 徹

静岡大学大学院理学研究科生物科学専攻
054-238-4774
sttokuo@ipc.shizuoka.ac.jp

徳元 俊伸

静岡大学大学院理学研究科生物科学専攻
054-238-4778
sbtoku@ipc.shizuoka.ac.jp

徳山 真治

静岡大学大学院農学研究科応用生物化学専攻
054-238-4879
acstoku@ipc.shizuoka.ac.jp

針山 孝彦

浜松医科大学医学部
053-435-2317
hariyama@hama-med.ac.jp

平田 久笑

静岡大学大学院農学研究科共生バイオサイエンス専攻

054-238-4819

ahhirat@ipc.shizuoka.ac.jp

本間 智寛

東海大学短期大学部食物栄養学科

054-261-6321

honma@sjc.u-tokai.ac.jp

本橋 令子

静岡大学大学院農学研究科共生バイオサイエンス専攻

054-238-4831

armotoh@ipc.shizuoka.ac.jp

三好 規之

静岡県立大学食品栄養科学部

054-264-5531

miyoshin@u-shizuoka-ken.ac.jp

森下 克介

森下環境研究所

054-662-0057

morikatsu@palette.plala.or.jp

森田 達也

静岡大学大学院農学研究科応用生物化学専攻

054-238-5132

atmorit@ipc.shizuoka.ac.jp

八幡 昌紀

静岡大学大学院農学研究科附属地域フィールド科学教育研究センター

054-641-9500

amyahat@ipc.shizuoka.ac.jp

山田 順子

弘前大学大学院医学研究科

0172-39-5145

jyamada@cc.hirosaki-u.ac.jp

与語 圭一郎

静岡大学大学院農学研究科応用生物化学専攻

054-238-4868

akyogo@ipc.shizuoka.ac.jp

王 権

静岡大学大学院農学研究科環境森林科学科

054-238-3683

aqwang@ipc.shizuoka.ac.jp

萱嶋泰成

静岡県立大学食品栄養科学部
054-264-5226
ykayashi@u-shizuoka-ken.ac.jp

伊藤 圭祐

静岡県立大学食品栄養科学部
054-264-5548
sukeito@u-shizuoka-ken.ac.jp

森内良太

静岡大学技術部
054-238-4838
armoriu@ipc.shizuoka.ac.jp

米田夕子

静岡大学大学院農学研究科環境森林科学専攻
054-238-4840
ayyoned@ipc.shizuoka.ac.jp

木村洋子

静岡大学大学院農学研究科応用生物化学専攻
054-238-4877
kimura.yoko@shizuoka.ac.jp

鶴井 香織

弘前大学男女共同参画推進室
0172-39-3885
tsuruik@cc.hirosaki-u.ac.jp

市川佳伸

静岡大学技術部
054-238-4838
ayichik@ipc.shizuoka.ac.jp

竹本裕之

静岡大学技術部
054-238-4834
uhtakem@ipc.shizuoka.ac.jp

二又裕之

工学研究科化学バイオ工学専攻
053-478-1178
thfutam@ipc.shizuoka.ac.jp

成川礼

静岡大学大学院理学研究科生物科学専攻
053-478-4783
narikawa.rei@shizuoka.ac.jp

若手フォーラムでは更なる研究者の参入を募っています

《入会金・年会費》

無料

《入会方法》

下記の書式にご記入の上、ML管理者（ SBYF-office@umin.ac.jp ）まで電子メール
をお送り下さい。手続き完了の通知とともに入会に関する資料をお送りいたします。

【氏名】

【所属】

【住所】

【TEL】

【FAX】

【E-mail】

【専門分野】

【個人/研究室 URL】

若手フォーラムのホームページもご参照下さい。

URL: <http://plaza.umin.ac.jp/~sizuwaka/top.htm>

良かったと思われるポスター3枚の演題番号を書き込み、

14:00までに受付横等の投票箱に投函してください

--	--	--

尚、所属する研究室の演題には投票しないで下さい

P1~P40 が投票の対象になります