

生物工学科 2016 年研究業績

A. 研究発表

1. 論文

- (1) Molecular phylogenetic analysis of nuclear genes suggests a Cenozoic over-water dispersal origin for the Cuban solenodon.
Jun J. Sato, Satoshi D. Ohdachi, Lazaro M. Echenique-Diaz, Rafael Borroto-Páez, Gerardo Begué-Quiala, Jorge L. Delgado-Labañino, Jorgelino Gámez-Díez, José Alvarez-Lemus, Nguyen Truong Son, Nobuyuki Yamaguchi, and Masaki Kita
Scientific Reports, 6, 31173; doi: 10.1038/srep31173. (2016)

The Cuban solenodon (*Solenodon cubanus*) is one of the most enigmatic mammals and is an extremely rare species with a distribution limited to a small part of the island of Cuba. Despite its rarity, in 2012 seven individuals of *S. cubanus* were captured and sampled successfully for DNA analysis, providing new insights into the evolutionary origin of this species and into the origins of the Caribbean fauna, which remain controversial. We conducted molecular phylogenetic analyses of five nuclear genes (*Apob*, *Atp7a*, *Bdnf*, *Brcal* and *Rag1*; total, 4,602 bp) from 35 species of the mammalian order Eulipotyphla. Based on Bayesian relaxed molecular clock analyses, the family Solenodontidae diverged from other eulipotyphlan in the Paleocene, after the bolide impact on the Yucatan Peninsula, and *S. cubanus* diverged from the Hispaniolan solenodon (*S. paradoxus*) in the Early Pliocene. The strikingly recent divergence time estimates suggest that *S. cubanus* and its ancestral lineage originated via over-water dispersal rather than vicariance events, as had previously been hypothesised.

- (2) Synthesis of peptides with narrow molecular weight distributions via exopeptidase-catalyzed aminolysis of hydrophobic amino-acid alkyl esters
Sachiko Nitta, Ayaka Komatsu, Taisei Ishii, Hiroyuki Iwamoto and Keiji Numata
Polymer J., 48, 955–961 (2016)

A new synthesis technique that produces homogeneous oligopeptides that are essential for

the formation of self-assembled structures is described. In contrast with endopeptidases, exopeptidases, which catalyze the cleavage of terminal peptide bonds, can potentially prevent unexpected hydrolysis during aminolysis. This is the first report on exopeptidase-catalyzed oligopeptide synthesis. Oligo(L-leucine) was synthesized using the exopeptidase carboxypeptidase Y (CPDY), which also prevented enzymatic hydrolysis. A high yield of oligo(L-leucine) with a narrow polydispersity (PDI) was obtained by limiting polypeptide cleavage during aminolysis. The reaction conditions, such as the temperature, pH, CPDY and substrate concentrations, were optimized to produce the best yields, molecular weights and PDI of the oligomers. Hydrophobic L-leucine methyl ester and L-isoleucine methyl ester were found to be the appropriate substrates for CPDY-catalyzed oligomerization; however, no oligomers were obtained using hydrophilic amino-acid esters. Oligomer yields were also affected by the amino-acid ester groups. Remarkably, the PDI of the oligomers was as low as 1.0, regardless of the reaction conditions and types of substrates used. Thus, exopeptidase-catalyzed oligomerization may become an alternative route for the current endopeptidase-catalyzed oligomerization of peptides.

2. 報文

(1) Antioxidative Activities of Wine and Grape Polyphenols

Hiroyuki Haraguchi, Takanori Morisada, Aiko Kato, and Mari Tsutsumi
Ann. Rep. Fac. Life Sci. Biotechnol. Fukuyama Univ. 15, 1-9 (2016)

Lipid peroxidation of biological membranes damages the membrane structures and functions, resulting various cellular dysfunctions. Mitochondria are the most susceptible targets of the lipid peroxidation. The effects of wine and grape polyphenols on mitochondrial peroxidation were investigated. Anthocyanidins (cyanidin, melvidin and pelargonidin) were effective to prevent respiratory chain linked and non-enzymic lipid peroxidation in mitochondria. Flavan-3-ol (epicatechin) protected respiratory enzyme activities against NADPH-dependent peroxidation. Resveratorol was also effective in preventing mitochondrial peroxidation induced by dihydroxyfumarate. These protective activities of polyphenolic compounds in wines and grapes against mitochondrial injury would provide beneficial influence to human health.

3. 学会発表

(1) 枯草菌孢子形成のトリガー遺伝子 *kinB* の転写制御

藤田泰太郎、仁井里美、広岡和丈

日本農芸化学会 2016 年度大会 (札幌)、大会講演要旨集 on line (2016-3)

枯草菌孢子形成のトリガー遺伝子 *kinB* の転写は、転写開始点のアデニン塩基種に依存する正の緊縮転写の下にあることを以前に報告した (1)。*kinB* のプロモーター領域 (塩基-95/+10、転写開始点+1) をレポーター遺伝子 *lacZ* に融合し、上流からの *kinB* プロモーターの欠失解析を行ったところ、塩基-65 までの欠失は *kinB* プロモーター活性に影響を与えなかったが、さらなる塩基-55 までの欠失は *kinB* プロモーター活性をかなり高めた。このことは、未知の転写リプレッサーが *kinB* プロモーター領域 (塩基-65/-55) に結合して、*kinB* の転写を抑制していると考えられた。この未知のリプレッサーの同定を試みたところ、*kinB* の発現に影響すると報告されている CodY や AbrB は塩基-65/-55 に位置するシスエレメントを通じた *kinB* の抑制には関係なく、バイオフィーム形成のリプレッサーである SinR がこの *kinB* の転写抑制に関与していることが明らかになった。SinR のシスエレメントを検索したところ、TAAAGG (塩基-65/-60 と-49/-44) のダイレクトリピートが見つかった。そこで、塩基-45 のグアニンをアデニンに置換すると SinR による *kinB* の抑制を解除することができ、ダイレクトリピート TAAAGG が SinR による *kinB* の抑制のシスエレメントであることを確認できた。興味深いことに、*kinB* 発現の正の緊縮転写制御はこのダイレクトリピートが破壊されても見られるが、 $\Delta sinR$ の遺伝的背景ではこの正の緊縮転写制御は起こらなかった。さらに、SinR は *ilv-leu* と *pycA* の正の緊縮転写制御にも必須であることが判った。しかしながら、*ptsG* や *pdhA* の負の緊縮転写制御には SinR を必要としなかった。ことから、SinR は、正の緊縮転写制御オペロンの転写開始ヌクレオチドの ATP の係る転写開始複合体形成反応のキネテックスに影響を及ぼすか、あるいは緊縮応答による GTP の減少が ATP 増加につながるフィードバック制御過程に関与していることが示唆された。

1. Tojo et al. J. Bacteriol. 195:1656-1665 (2013)

(2) 枯草菌のラムノース資化に関わる遺伝子群の発現と機能の解析

広岡和丈、藤田泰太郎

日本農芸化学会 2016 年度大会 (札幌)、大会講演要旨集 on line (2016-3)

枯草菌は植物根圏にも普遍的に存在し、根から滲出する種々の有機化合物を栄養源としている。我々は、枯草菌ゲノムからラムノース異化に関わる酵素群とその発現制御を担う転写因子をコードする *rhaEWRBMA* (*yuxG-yu1BCDE*) オペロンを見出し、その機能解析を行っている。ラムノースは、細胞壁ペクチン・根から分泌される粘液質・フラボノイド配糖体などの植物由来物質の構成成分であるので、根圏土壌中には比較的豊富に存在しており、枯草菌はこのオペロンを発現させてラムノース資化を行っていると考えられる。

これまでの研究から、DeoR ファミリーに属する RhaR 転写因子がオペロン上流の 9 bp の保存モチーフ (CAAAAAWAA) の繰り返しから成る領域に結合することでレプレッサーとして機能し、ラムノースが存在するとオペロンにコードされる酵素群によってラムノースから生じたラムノース-1-リン酸がエフェクター分子として作用し、RhaR による抑制を解除することが明らかにされた。

オペロンにコードされる酵素群に関して、組換えタンパク質を用いた活性測定等から、RhaA がラムノースをラムヌロースに異性化し、これを RhaB がリン酸化し、さらに RhaEW が開裂して乳酸とジヒドロキシアセトンリン酸に変換すると考えられた。また、配列情報から RhaM はラムノースアノマーの相互変換を促進するムタロターゼであると推定された。これら一連の酵素群が実際に枯草菌細胞内でラムノース資化に機能するかを、各遺伝子破壊株をラムノースを唯一の炭素源とする培地で培養して生育を調べた。その結果、*rhaR* と *rhaM* の各遺伝子破壊株では野生株と同程度の生育が観察されたが、残り 3 つの遺伝子破壊株では生育が認められず、RhaA、RhaB、および RhaEW が枯草菌のラムノース資化に必須であることが確かめられた。

大腸菌のラムノース輸送体である RhaT との相同性検索から、枯草菌では GlcU がラムノースの取り込みを担うと推定された。また、枯草菌でペクチンの糖鎖分解に働く遺伝子群内には、その産物が ABC 輸送体の構成成分であると推定されるもの (YesOPQ および YteQ) も含まれており、これらもラムノース取り込みに関わる可能性が考えられた。これらの各遺伝子破壊株についても、ラムノース資化実験を行う予定である。また、これらの遺伝子群の推定制御領域には RhaR 結合領域に類似した保存モチーフが見出されたので、遺伝子発現がラムノースによって誘導されるかについても検討を行っている。

(3) 瀬戸内海島嶼アカネズミの味覚受容体遺伝子の多様性と DNA バーコーディングによる食性の分析

佐藤淳、田坂由里奈、山本祐哉、白石裕樹、前田康平、田坂僚也、稲森千章、郡司健太郎、三浦大器、山口泰典

瀬戸内海 芸予諸島の各島々からアカネズミ *Apodemus speciosus* を採集し、氷河期後に形成された島による隔離が集団の遺伝的分化と多様性に与えた影響を評価した。昨年度、本大会において、以下の 2 点について報告した。1. ミトコンドリア DNA Dloop 領域においては、島嶼集団で顕著に遺伝的多様性が低下している。2. 旨味受容体遺伝子 *Tas1r1* においては、各々の島固有の遺伝的多様性が見られる。これらの結果は、島嶼において集団サイズが低下していることと、味覚に関して島固有の適応が生じている可能性を示唆する。本研究では、苦味受容体遺伝子 *Tas2r138* の遺伝的多様性を評価すると共に、糞を対象とした DNA バーコーディング法により採餌品目を明らかとし、味覚受容体遺伝子の多様性における自然選択の関与を検証した。その結果、苦味受容体遺伝子については島固有の多様性が明らかとなったが、旨味受容体遺伝子とは異なる傾向を示した。ミトコンドリア *COI* 遺伝子、および葉緑体 *RbcL* 遺伝子を指標とした DNA バーコーディングの結果、2～5 月の春季に採集したアカネズミの糞から、主に蛾やドングリのなるコナラ属 *Quercus* の木が同定された。春季に餌となる動物が出現するまでの間、冬季に貯食していたドングリがアカネズミの重要な餌資源となっていることが示唆された。一方で、動物と植物の糞における出現頻度と、旨味、および苦味受容体遺伝子の多様性の間で顕著な相関は見られなかった。

(4) 枯草菌でのラムノース取り込みに関わる遺伝子群の探索

広岡和丈、藤田泰太郎

2016 年度グラム陽性菌ゲノム機能会議（熱海）、プログラム・要旨集、要旨 P-34 (2016-8)

枯草菌は植物根圏にも普遍的に存在し、根から滲出する種々の有機化合物を栄養源としている。ラムノースは、細胞壁ペクチン・根から分泌される粘液質・フラボノイド配糖体などの植物由来物質の構成成分であるので、根圏土壌中には比較的豊富に存在しており、そこに生息する枯草菌はラムノース資化を行うと考えられた。我々は、枯草菌ゲノムからラムノース異化に関わる酵素群とその発現制御を担う転写因子 (RhaR) をコードする *rhaEWRBMA* (*yuxG-yu1BCDE*) オペロンを見出し、各酵素の機能と転写制御機構を明らかにした¹⁾。しかしながら、このオペロンには輸送体タンパク質はコードされておらず、枯草菌でのラムノース取り込み機構は不明のままである。そこで、他の細菌でのラムノース輸送体などの情報をもとに²⁾、枯草菌でのラムノース取り込みに関わるタンパク質候補を選び、そ

の遺伝子発現がラムノースによって誘導されるかをレポーター実験で調べ、また遺伝子破壊によってラムノース資化能が消失するかを培養実験で調べた。

大腸菌のラムノース輸送体 (RhaT) と相同性を示す、枯草菌の GlcU に関して、プロモーター活性はラムノースでは誘導されず、代わりにペクチン添加によって誘導され、その誘導効果はグルコースをさらに添加すると抑制されることがわかった。また、この遺伝子破壊株はラムノースを唯一の炭素源とした培地で生育可能であることがわかった。

枯草菌においてペクチンの糖鎖分解に働く遺伝子群 (*rhiLFGN-rhgR-yesTUVWXYZ* および *ytePQRST*) には、その産物が ABC 輸送体の構成成分であると推定されるもの (RhiLFG および YteQ) も含まれており^{2), 3)}、これらがラムノース取り込みも担う可能性が考えられた。*rhiL* および *yesW* の上流域にプロモーター配列を見出したので、それぞれについて種々の糖の誘導効果を調べた結果、いずれも *glcU* プロモーターの場合と同様にラムノースでは誘導されず、ペクチンによって特異的に誘導され、その効果がグルコース添加で抑制されることがわかった。また、*rhiL*、*rhiF*、*rhiG*、および *yteQ* の各遺伝子破壊株がラムノースを唯一の炭素源として生育可能であることがわかった。

放線菌においてラムノース取り込みに関わると推定される ABC 輸送体 (RhaGHJF)²⁾ と相同性を示す、枯草菌のタンパク質群をコードする *rbsRKDACB* オペロンについて、種々の糖の誘導効果を調べた結果、グルコースで抑制され、ラムノースを含む複数の糖で誘導されることがわかった。

1) Hirooka, K., *et al.* 2016. J Bacteriol 198:830-845.

2) Rodionova, I. A., *et al.* 2013. Front Microbiol 4:407.

3) Ochiai, A., *et al.* 2007. Appl Environ Microbiol 73:3803-3813.

(5) 瀬戸内海島嶼のアカネズミ集団の遺伝的多様性とメタバーコーディングによる食性分析

佐藤淳、京極大助、小村健人、白石裕樹、前田康平、稲森千章、三浦大器、山口泰典、井鷲裕司

日本哺乳類学会 2016 年度大会 (筑波大学、つくば). 要旨集 p. 90. (2016-9)

瀬戸内海島嶼は、氷河期後の海水面の上昇により約 8000 年前には形成されたと考えられている。本研究では、島による隔離がアカネズミ *Apodemus speciosus* の集団の遺伝的多様性と食性に与えた影響を評価した。まず、ミトコンドリア DNA Dloop 領域の解析の結果、島嶼集団で顕著に遺伝的多様性が低下していると共に島嶼間で遺伝的分化が生じていることが明らかとなった。このことは、島嶼にお

いて集団サイズが低下していることと、それぞれの島ごとに独自の進化が起きていることを示唆する。次に、旨味、及び苦味受容体遺伝子の部分塩基配列を決定し、ヘテロ接合体頻度を評価したところ、旨味受容体遺伝子では Dloop と同様に島嶼集団の遺伝的多様性の低下が示唆された。その一方で、苦味受容体遺伝子では、島固有の多様性のパターンを示した。糞を対象としてサンガー法、及び次世代シーケンサーを用いたメタバーコーディング法によりアカネズミの採餌品目を特定したところ、2～5月の春季に採集したアカネズミの糞から、主に蛾やドングリのなるコナラ属 *Quercus* が同定された。また、食性は島固有であることが明らかとなった。さらに、苦味受容体遺伝子の多様性と採餌品目との間で関連の傾向が見られた。

(6) DNA バーコーディング法を用いたアカネズミの食性分析

佐藤淳

日本哺乳類学会 2016 年度大会（筑波大学、つくば）自由州会「野ネズミの生態学—New approaches develop new fields—（坂本信介、島田卓哉、齊藤隆）」。要旨集 p. 72. (2016-9)

要旨無し

(7) 福山六次産業化への取り組み

山本覚、久富泰資、吉崎隆之

日本応用糖質科学会平成 28 年度大会（福山）、ご当地シンポジウム、講演要旨集、p. 36 (2016-9)

日本は国土が狭く、資源に恵まれない国と教わった記憶をもつ人は少なくない。しかし、観点を変えれば、それは明らかに間違いであり、日本は広くそれぞれの地方に豊かな資源と文化が息づいている。日本応用糖質科学会のご当地シンポジウムは、まさに地方の資源と文化にスポットライトをあてる粋な企画である。福山大学と地域が協力して取組む福山六次産業化の話題を通して、日本応用糖質科学会第 65 回大会開催地「福山」の資源と文化をご紹介します。

福山市は瀬戸内のほぼ中央に位置し、温和な気候と海の幸・山の幸に恵まれている。しかし、J F E スチール(株)西日本製鉄所の誘致に象徴されるように、福山市の発展は第二次産業に支えられてきた。その結果、農水産業等の第一次産業は徐々に衰退し、農業者の減少と高齢化により耕作放棄地は増加の一途にある。一方、地方大学の使命として地域貢献・社会連携が挙げられている。福山大学生命

工学部では、ライフサイエンス発展の原点とも言えるワイン科学を教育・研究に取り入れており、地域特産品のブドウを原材料としたワイン醸造を行っている。地域社会の活性化には、定年退職者や専業主婦等も活躍できる六次産業は究めて有効である。ワイン醸造は典型的な六次産業であり、福山の六次産業を活性化する契機となる可能性は高い。

福山市民に愛されるワインを育てるためには、福山とワインをつなぐストーリー性も重要である。そこで、市花であるバラと地域特産のブドウに存在する酵母に着目し、新たな発酵食品開発を目指している。市内で栽培されるバラの花から約1,300株の野生酵母を分離し、8株の出芽酵母を選抜した。これらの酵母で製造されたパンは、膨らみ・焼き色・香り・味わいに特徴的な上質さを示した。パンの内相の電顕解析によって、グルテンネットワークやデンプン粒の特徴も明らかとなり、その普及を今年度の課題としている。また、上記の酵母に加えて、福山市で栽培されたブドウ（ニューベリーA）から高発酵性の野生酵母を分離して、産学連携でオリジナルワインの開発にも挑戦している。福山大学生物工学科では、アクティブ・ラーニングの一環としてブドウ栽培からワイン醸造、そして商品化に取り組んでいる。ワインの試作品は学内外で試飲を行い、評判は上々である。今後、オリジナルワイン用酵母の育種や新たな機能性成分の同定等を通して、福山ワインのブランド化を推進すると同時に、醸造家の育成につなげたい。

上述の取組みは、広島県、福山市、地元企業、研究機関、そして福山大学が協力して推進する「バラの酵母菌で福山を醸すプロジェクト（福山商工会議所）」を核として産学官が一体となって推進しており、ワイン・リキュール特区の認定にもつながっている。

(8) 酵母 *Saccharomyces cerevisiae* へのセルラーゼ生産能の付与

松崎浩明、上田賢一、山崎新平、秦野琢之

第68回日本生物工学会大会（富山）、講演要旨集、p.119（2016-9）

近年、エネルギー消費量の増大により化石燃料の枯渇が危惧されている。そこで、バイオマス資源を利用したエネルギー生産が注目されている。しかし、食糧となる糖・デンプン系バイオマスの利用は、食糧不足や食糧の価格高騰を招く。本研究では、アルコール発酵酵母 *Saccharomyces cerevisiae* への遺伝子導入によるセルラーゼ生産能の付与により、セルロース系バイオマスからのバイオエタノールの生産を目指している。当研究室の過去の研究で *Cryptococcus flavus* 由来のカルボキシメチル (CM) -セルラーゼ (CMC1) や *Saccharomycopsis fibuligera* 由来の β -グルコシダーゼ (BGL1) の生産能を付与したが、セルロースからのエタノール

生産量は十分ではなかった。エンド型とエキソ型など種々のセルラーゼの生産によりセルロース分解効率を高めることが重要であると考えた。そこで、BGL1及び細菌 *Cellulomonas fimi* 由来のエンド型セルラーゼ (cenA) とエキソ型セルラーゼ (cex) の3種のセルラーゼ生産能の付与を検討した。まず、cenA遺伝子とcex遺伝子をGAPプロモーター、MEL1分泌シグナル配列とGAPターミネーターとの間に連結した *S. cerevisiae* 分泌発現型 cenA と cex を持つ YEp 型プラスミド pHM1061 を構築した。また、BGL1 遺伝子を GAP プロモーター下流に連結した分泌発現型プラスミド pHM1062 を構築した。pHM1061 と pHM1062 を導入した二重形質転換体は、コンゴレッド染色と *p*-NPG 活性によりセルラーゼと β -グルコシダーゼを分泌生産していることが確認できた。しかし、セルラーゼ活性は低いと考えられた。さらに、CMC1 遺伝子を GAP プロモーター下流に連結した分泌発現型プラスミド pSC7 を導入した三重形質転換体は CMセルロースを基質としてグルコース (または CMグルコース) を生じた。

(9) キトサンナノファイバーヒドロゲルの創製と骨芽細胞培養基板への応用

新田祥子、小松礼佳、岩本博行

日本応用糖質科学会平成 28 年度大会 (第 65 回) (福山)、大会講演要旨集 p. 60 (Dp-7) (2015-9)

【目的】キトサンを water-jet 技術により微粉碎したキトサンナノファイバー (CNF) は、生体適合性や抗菌性だけではなく、高強度や水中での優れた分散安定性といった特徴を有することから、再生医工学分野での利用が期待されている。そこで本研究では、CNF 含有ヒドロゲルを作製し、その三次元網目構造内部に hydroxyapatite (HAp) 結晶を集積させることで、骨代替材料としての応用を目指した。

【方法】CNF (スギノマシン社製) 懸濁液中で、PEG diacrylate (PEGDA) の化学架橋により CNF-PEG ゲルを作製した。次に CaCl_2 溶液および Na_2HPO_4 溶液に交互浸漬して、CNF-PEG ゲル内部および表層に HAp 結晶を集積した複合材料 CNF-PEG-HAp ゲルを作製した。作製した CNF-PEG-HAp ゲルに骨芽細胞を播種し、培養を試みた。培養後の細胞の様子を走査型電子顕微鏡 (SEM) ならびに Live/Dead Assay を用いた蛍光顕微鏡観察により評価した。

【結果】SEM 観察の結果、CNF-PEG ゲル内部および表層に HAp 結晶が析出している事が確認できた。また HAp を析出させることでゲルのヤング率が増大した。CNF-PEG-HAp ゲルに骨芽細胞を播種し 5 日間培養したところ、細胞はゲル表層のみならず、内部においても十分な細胞生存性を維持していることが確認できた。

また SEM 観察の結果より、細胞がゲル中の HAp に沿って良好に接着ならびに伸展している様子が観察できた。

(10) *Klebsiella pneumoniae* 由来 Pullulanase-cyclodextrin 複合体の相互作用様式の解明

坂 直樹、岩本博行、高橋延行、水谷公彦、三上文三

日本応用糖質科学会平成 28 年度大会（第 65 回）（福山）、大会講演要旨集 p. 61 (Dp-8) (2015-9)

【目的】 Pullulanase (EC 3.2.1.41) は α -グルカンの α -1,6-結合を加水分解する酵素であり、デンプン加工工業に広く用いられている。近年、*Klebsiella pneumoniae* 由来の Pullulanase (KPP) を含む多数の Pullulanase の立体構造が報告されている。KPP は GH13 に属し、5 つのドメイン (N1, N2, N3, A, C ドメイン) から構成される。これまでに、KPP と α , β , γ -cyclodextrin (CD) との生化学的性質が調べられ、 β -CD が他の CD より強く結合し、その相互作用様式も異なることが推定されているが、立体構造的知見は未だ得られていない。本研究では KPP と α -CD、 β -CD および γ -CD との複合体の構造解析を行うことにより、KPP と CD との相互作用の違いを立体構造から解明することを目的とし、結晶化および構造解析を行うこととした。

【方法・結果】 KPP は大腸菌発現系を用い結晶化サンプルを調製した。各 CD と共結晶化し、PEG を沈殿剤とする条件で結晶を得たので、SPring-8/BL38B1 にて回折 X 線測定を行った。KPP/CD 複合体構造は分解能 1.97 Å (α -CD)、2.34 Å (β -CD)、2.10 Å (γ -CD) で得られた。各 CD は KPP 構造において A ドメインの活性部位および N1 ドメインの二カ所に結合していることが分かった。現在、構造の精密化を進めており、発表では CD の相互作用の違いを報告する。

(11) 哺乳類の分子系統と日本産哺乳類の起源の解明

佐藤淳

第 22 回国際動物学会・第 87 回日本動物学会（沖縄コンベンションセンター、2016 年 11 月 17 日、宜野湾）要旨集 p. 12. (2016-11)

私は、ゲノムに残された、生き物の過去、現在、未来に関する情報を探ることに研究の面白さを感じている。これまでは、遺伝情報に基づく分子系統学、分子進化学、系統地理学、保全遺伝学の 4 つのアプローチから、哺乳類の起源、環境適応、そして絶滅リスクを把握することを目的に研究を行ってきた。

分子系統学的研究では、複数の核 DNA を用いた系統推定を行うことで、長年の謎であったレッサーパンダ (*Ailurus fulgens*)、鰐脚類 (Pinnipedia ; アザラシ、アシカ、セイウチ)、キューバソレノドン (*Solenodon cubanus*)、トゲネズミ (*Tokudaia*) 等の系統学的位置づけや、その起源となる年代を解明したほか、イタチ科 (Mustelidae) の系統放散と地球環境変動、および地史との相関を明らかにした。

分子進化学的研究では、野生ハツカネズミ (*Mus musculus*) の亜種間交雑に伴い生じたヘモグロビンベータ鎖遺伝子の組換えや、食肉目哺乳類 (Carnivora) における毛色関連遺伝子、および味覚受容体遺伝子の進化に関する研究を行った。特に味覚受容体遺伝子の研究では、鰐脚類の旨味受容体遺伝子が偽遺伝子化していることを発見し、食性や食べ方が本遺伝子の偽遺伝子化に関与したことを示した。系統地理学的研究では、クロテン (*Martes zibellina*) やニホンテン (*Martes melampus*) について、日本列島への流入経路や年代の推定を行った。これらの結果を合わせて、近年、日本の陸生哺乳類 63 種の分子系統学・系統地理学に関する研究をまとめ、大規模な比較系統地理学的な解析を行うことで、津軽海峡や対馬・朝鮮海峡の地史の変動や、ニッチの違いを反映する系統的近縁性が、日本産陸生哺乳類の分布形成 (同所性・異所性) に大きな影響を与えたことを明らかとした。保全遺伝学的研究では、人工物による森林の分断化が、野生生物集団の遺伝的多様性に与える影響に関する研究と共に、島の哺乳類をモデルとした絶滅リスクに関する研究を行っている。これまで最も頻繁に絶滅が起きてきたのは島であるといわれており、その一つの要因として、島の集団の小集団化による遺伝的多様性の低下の関与が疑われている。したがって、島嶼集団の遺伝的固有性や多様性の評価は、絶滅リスクに関する知見を得る上で重要である。これまでに、トゲネズミやツシマテン (*Martes melampus tsuensis*) などを対象に、複数の遺伝子座に基づく分子系統解析を行うことで、島の系統の高い固有性を明らかにしてきた。また、ツシマテンや北海道のクロテンが、それぞれ本土やユーラシア大陸の集団と比較して、著しく低い遺伝的多様性を示すことを明らかとした。現在は、福山大学の地理的な優位性を活かし、瀬戸内海島嶼のアカネズミ集団をモデルとした、島嶼生物集団の遺伝的多様性に関する研究を行っている。その中で、ミトコンドリア DNA の遺伝的多様性が、島の面積と正の相関を示すことを発見した。このことは、集団サイズの減少が、島嶼集団の遺伝的多様性の低下を引き起こしたことを示唆する。

以上の 4 つの柱となる研究を背景として、現在は、DNA バーコーディング法に基づく哺乳類の食性分析を行っている。その目的は、哺乳類の環境適応に関する知見を得るとともに、上述のように分布の同所性・異所性の決定に大きな影響を与

えた生態学的要因を特定することである。また、生態系における食物網の解明にも貢献できるため、保全生物学上重要な知見が得られると考えている。さらに、食性の解明は、上述の味覚受容体遺伝子の多型との相関の観点からも非常に興味深い。講演、およびポスター発表では、以上4つの柱を中心に、哺乳類学研究を紹介したい。

- (12) Supermatrix molecular phylogenetic analysis of nuclear genes provided new insights into the evolutionary origin of the Cuban solenodon, *Solenodon cubanus*.

Jun J. Sato, Satoshi D. Ohdachi, Lazaro M. Echenique-Díaz, Rafael Borroto-Páez, Gerardo Begué-Quiala, Jorge L. Delgado-Labañino, Jorgelino Gámez-Díez, José Alvarez-Lemus, Nguyen Truong Son, Nobuyuki Yamaguchi, and Masaki Kita

The joint meeting of the 22nd International Congress of Zoology and the 87th Meeting of the Zoological Society of Japan (Okinawa Convention Center, Ginowan, Okinawa). Abstract p 433-434. (2016-11)

The Cuban solenodon (*Solenodon cubanus*) is one of the most enigmatic mammals and is an extremely rare species isolated in a eastern part of the Cuban island. We examined five nuclear genes (*Apob*, *Atp7a*, *Bdnf*, *Brcal* and *Rag1*; total, 4,602 bp) from 35 species of the mammalian order Eulipotyphla including seven individuals of *S. cubanus* successfully captured in 2012, and conducted supermatrix molecular phylogenetic analyses. Together with the results from Bayesian relaxed molecular clock analyses, the family Solenodontidae was inferred to have diverged from other eulipotyphlan families (Erinaceidae, Soricidae, and Talpidae) in the Paleocene, after the bolide impact on the Yucatan Peninsula at ca. 65 Ma. Solenodontidae was the most basal lineage in Eulipotyphla although the divergences among the major four families were almost simultaneously, suggesting rapid evolutionary radiation within a short period of evolutionary time. Moreover, the divergence between *S. cubanus* and the Hispaniolan solenodon (*S. paradoxus*) was estimated to have occurred in the Early Pliocene. The Early Pliocene origin of the *S. cubanus* suggests that this species was established in Cuba via over-water dispersal from Hispaniola rather than vicariance events caused by geological division between two islands, as had previously been hypothesised.

- (13) 生息地の分断化がネズミの個体群の遺伝的多様性に与える影響

佐藤淳

第2回広げよう「野生動物の歩道橋」～コリドーで繋ぐ森と命～ (TEPIA、11月22日、東京). 要旨集 p. 16. (2016-11)

生息地の分断化は生物の移動に大きな影響を与える。世代にわたって個体の移動がない場合、生殖の過程で独立に生じた突然変異が分離した個体群の間で共有されることはない。また、遺伝的浮動や自然選択といった進化過程もそれぞれの個体群で独立に起きることとなる。このことで分離した個体群の間で遺伝的分化が生じる。さらに個体群が小さな生息地に隔離された場合には、遺伝的多様性が低下する。本講演ではまず、日本の島嶼構造による数十万～数百万年の隔離がネズミの種分化に与えた影響を紹介する。次に、最終氷期以降、約8000年の間、瀬戸内海の島嶼に隔離されたアカネズミ (*Apodemus speciosus*) の遺伝的多様性が低下していること、そして島嶼個体群間で遺伝的分化が生じていることを紹介する。最後に、福山大学キャンパスと富士山スカイラインを舞台に、道路等の人工物による数十年の生息地の分断化が遺伝的多様性・分化に影響を与えた事例を紹介する。

Habitat fragmentations largely restrict the movement of organisms and therefore result in genetic divergence among fragmented populations. If populations are isolated into small fragments, the genetic diversity in each population would be decreased due to the effect of genetic drift through generations. In this presentation, I will introduce the effect of three chronological levels of fragmentations on the population genetic diversity and differentiation in the large Japanese field mouse, *Apodemus speciosus*. First, I will show that the geological division of the Japanese archipelagos had significant influences on the generation of endemic species of rodents. Second, I will demonstrate that the genetic diversity of *A. speciosus* populations in islands of the Seto Inland Sea, isolated since ca. 8 kilo years ago, is lower than in Honshu and Shikoku main islands. Furthermore, genetic differentiations are also suggested among island populations, with no mitochondrial DNA haplotypes shared. Finally, I will exemplify the effects of a few decades of artificial habitat fragmentations on the genetic diversity and differentiation with two case studies conducted in Fukuyama University campus and Mt. Fuji.

- (14) Culture of Normal Cells from Hair Root of Human, Mouse, Djungarian Hamster and Japanese Field Mouse, *Apodemus speciosus*
Yasunori Yamaguchi, Naoyuki Koshi, Chiaki Tague and Yuri Tsubouchi
The 29th Annual and International Meeting of the Japanese Association for Animal Cell Technology (Kobe International Conference Center, Kobe. Abstract

1. Introduction More than 80 species of mammals are listed on the Red List in Japan. It is necessary to stock normal cells of these mammals in liquid nitrogen to resurrect them in the future. Moreover, cells should be collected from many individuals of the specie to ensure the genetic variety. To obtain normal cells in a minimally invasive manner, we developed a simple method to culture and freeze-stock the cells from removed hair root portion as a bio- resource sample.

2. Experimental Using the eyebrow hair roots that could be easily removed by 5 adult volunteers themselves under informed consent, fibroblast-like normal cells were obtained with regardless of age or gender by a simple method. By the same method, normal cells of other 3 species were cultured and stocked.

3. Results and discussion We clarified the most suitable culture condition of these cells, and the change of cellular proliferative character under repeating subculture was showed concerning to the age of donor. In addition, to obtain normal cells as bio-resource from whisker or body hair of other mammals, we examined mouse, djungarian hamster and Japanese field mouse, *Apodemus speciosus* as model animals, then most of cultured cells were fibroblastic shape, but some morphological variation were observed. We also clarified the most suitable condition to obtain normal cells of these mammals.

4. Conclusions We cultured and freeze-stocked normal cells by a simple and minimally invasive way from the hair root of 4 species of mammals. These stocked normal cells will be deposited to the cell bank like RIKEN BRC as valuable bio-resources. We now examine to reprogram these cells by introducing episomal vectors and to differentiate those iPSC to germ cells for in vitro fertilization.

(15) ブドウ栽培からワイン醸造までを通した教育プログラムの構築

Viticulture and vinification as an educational program for biotechnology

吉崎隆之、山本覚、久富泰資

日本ブドウ・ワイン学会 (ASEV JAPAN) 2016 年度大会 (甲府)、日本ブドウ・ワイン学会誌、27、pp80-81 (2016-11)

We have developed a novel educational program including viticulture and vinification to

learn biotechnology actively. This program is not only effective to tempt students into biotechnology, but also to clarify characteristics of our department and to contribute to the area society activity. We arranged the three subjects newly, “Enology”, “Quality assessment study of wine”, and “Practical training of pomology and processing of fruit” in the curriculum. It is the unique point that students investigate how cultivate the fruit trees, and plan it, and carry it out themselves, in this program. Furthermore, they have learned the cultivation of the grapes and fermentation method to make wine. This program was started in 2014, two years passed. Many citizens have come to take interest in Fukuyama wine, some events were performed, like a short trip with wine train. The results of this educational program will be from now on.

【目的】 私たちの研究グループでは脂肪肝形成を阻止する新たな分子標的の探索を目的と演者らの所属する生物工学科は、バイオテクノロジーの基礎と応用に関する理論と技術を教育するために、1986年に開設された。以来30年を経て、バイオテクノロジーは著しく高度化する一方で、学生教育の在り方も変化している。本学科では、新しい教育方法として、ブドウ栽培からワイン醸造まで一貫して取り組む教育プログラムを開始している。この取り組みは、本学科の特色を明確にするだけでなく、社会貢献に繋げることも目的としている。

福山市は瀬戸内海の中央に位置し、温暖寡雨な瀬戸内海式気候により果樹栽培に適している。特にブドウ栽培が盛んで、日本で最初にマスカット・ベリーAの無核化に成功するなど、生食用ブドウの産地として全国でも高い評価を受けている。しかしながら、これまで福山市にワイナリーは存在せず、6次産業化への取り組みなども遅れていた。そこで、本学科の長年のバイオ研究成果と特産品のブドウをワイン醸造という形で結びつけ、教育・研究の一環として新しいワイン造りに取り組むことで地域活性化に繋げ、さらには大学のブランド化を目指している。平成26年度に「福山大学ワインプロジェクト」を立ち上げ(1)、本年初めて学生実習の中でワイン醸造を行ったので、その経過を報告する。

【結果】 本学科ではもともと生物工学を系統的に学ぶカリキュラム編成がなされており、植物栽培や酒類製造に関する講義も提供していた。そこで、既存の講義内容に、「ワイン醸造学」、「ワイン品質評価学」および「果樹栽培加工実習」、という3つの科目を新設することで対応させた。ブドウ栽培については近隣農家から約10アールのブドウ畑を借り、醸造用ブドウを準備する体制を整えた。特にユニークな授業と思われる2年生の「果樹栽培加工実習」について以下に紹介する。本実習では6人前後のグループごとにキャンパスに植栽されているアンズ、イチジク、ウメ、カキ、リンゴなどの栽培を年間を通して担当している。アクティブ・ラーニングにより、栽培方法は学生たちが自ら調べながら実践する。収穫物につ

いてはジャムや梅干しなどに加工し、さらに栽培マニュアルを完成させそれらの成果を発表する。この経験を通して果樹栽培の基本的な考え方や技術を身につける。一方、ブドウ栽培については教員の指導の下で一通りの作業を行う。ブドウ収穫後、グループごとに 20L の斗瓶でワイン醸造を行うが、酵母の種類、酸度や糖度の調整、発酵温度などの製造方法にはある程度の自由度を与え、最終的に完成したワインの風味を評価させる。

(16) 広島県東部のブドウの果実及びバラの花から単離した高発酵性の野生酵母の解析とワイン醸造への適用

久富泰資、下野成康、藤井道則、杉原千紗、吉崎隆之、山本覚、行安稔

日本ブドウ・ワイン学会 2016 年度大会（甲府）、発表要旨、p. 78-79（20016-11）

In order to produce original wine, we isolated wild yeasts exhibiting high fermentation abilities from grapes and roses growing in eastern Hiroshima Prefecture, Japan. The area faces the Seto Inland Sea, which has been likened to the Mediterranean Sea because of its mild weather conditions. The area is known for growing grapes and flowers, particularly roses. We isolated 41 wild yeast strains from Muscat Bailey A grapes grown in Numakuma Town, Fukuyama City. Twenty-four of the 41 strains exhibited high fermentation abilities, and 23 of the 24 strains were identified as *Saccharomyces cerevisiae* on the basis of 18S rDNA sequence analysis. The 23 strains were classified into three types of electrophoretic karyotypes. Three representatives selected from the respective karyotypes were used to make wines. The three kinds of wines produced by these yeasts differed in color, flavor, and taste. In the next season, these yeasts will be used by Sera Winery, the nearest winery to Fukuyama University, to make original wine. In addition, we are planning to use wild yeasts isolated from roses grown in Fukuyama City to make wines with unique taste.

(17) 毛根由来正常細胞の凍結保存

山口泰典、古志 直之、田下 智亜紀、壺内優里第 39 回日本分子生物学会年会（パシフィコ横浜、横浜）. オンライン要旨 2P-0850.（2016-12-1）

絶滅が危惧される哺乳動物が、もしも絶滅してしまった場合に備えて、今のうちに何ができるかと考えたとき、近年の先端的技术の進歩を外挿すれば、以下のような戦略は空想ではなく十分に現実的である。①動物から正常体細胞を採取、②液体窒素中で凍結保存、③動物が絶滅した場合、凍結細胞を解凍・培養、④将来の進歩した技術で正常体細胞を初期化、⑤生殖細胞に分化誘導、⑥体外受精、⑦

受精卵を近縁種の子宮に移植、⑧出産。この場合、1つの動物種についてできるだけ多数の個体から多様な遺伝的背景を持つ正常細胞を凍結保存しておくことが、種の復活のためには重要である。このような目的のためのバイオリソースとしての正常細胞を超低侵襲的に得る方法として、抜去した毛根部分に着目し、ヒト、マウス、ハムスター、アカネズミをモデル動物として、まゆ毛とひげ毛根部に由来する正常細胞を簡易に培養する方法を開発した。毛根からは、繊維芽細胞以外にも種々の形態の培養細胞が得られ、凍結保存が可能であった。これらの細胞に、エピソームベクターを導入して、初期化を進めた。

(18) 枯草菌のバイオフィーム形成のリプレッサー (SinR) による孢子形成トリガー遺伝子 (*kinB*) の転写制御

藤田泰太郎、小倉光雄、仁井里美、広岡和文

第39回日本分子生物学会年会 (横浜)、要旨 on line (2016-12)

枯草菌の孢子形成のトリガー遺伝子 (*kinB*) の転写は転写開始部位のアデニン塩基が関与する正の緊縮転写制御の下にあることを報告した(1)。レポーター *lacZ* の融合株 (*sinR⁺* と *sinR*) を用いた、*kinB* プロモーター領域の欠失と塩基置換解析により、ダイレクトリピート TAAAGG (塩基-65/-60 と -49/-44、+1 転写開始塩基) がバイオフィーム形成のリプレッサーの SinR の結合シスエレメントと推察でき、さらに、*kinB* の正の緊縮転写制御に SinR が関与しているとの予期せぬ結果を得た。そこで、精製した SinR を用いた EMSA 解析により、ダイレクトリピート TAAAGG が SinR の結合シスエレメントであることを確認するとともに、新たな *kinB* プロモーターの-35 領域と重なる、SinR の結合シスエレメントと思われるダイレクトリピート TTTA-T (-33/28 と -20/-15) を見出し、このリピートが *kinB* の正の緊縮転写制御に関わるのではないかと考えた。さらに、*lacZ* 融合実験により、*kinB* の正の緊縮転写制御のみならず *ilv-leu*、*pycA* や *kinA* の正の緊縮転写制御にも SinR が関与することが明らかになった。EMSA 解析により、*ilv-leu* プロモーター領域には-35 領域と重複した、SinR の結合シスエレメントと考えられるダイレクトリピート A-A-TGC (-44/-38 と -32/-26) があり、これが *ilv-leu* の正の緊縮制御に関わるのではないかと推察できた。現在 *kinB* と *ilv-leu* の生体外転写系を組み、SinR が関与する正の緊縮転写制御の分子機作を解明しようとしている。

1. Tojo et al., J. Bacteriol. 195:1656-1665 (2013)

(19) 出芽酵母における染色体からのセントロメア DNA の切り出し誘導時に出現する生存細胞の解析

松崎浩明、平島宗一郎、宮本昭弘、柳本敏彰、秦野琢之
第 39 回日本分子生物学会年会（横浜）、要旨 on line (2016-12)

遺伝子組換え生物が野外で拡散した場合、環境へ及ぼす影響が危惧される。我々は、条件致死性質や不稔性質の付与により遺伝子組換え生物の野外での拡散を防ぐことを目指している。そこで、酵母 *S. cerevisiae* をモデル生物として pSR1 プラスミドの R-RS 部位特異的組換えを利用して染色体からセントロメア DNA を切り出すことで細胞死を誘導することを検討している。セントロメア DNA の切り出しは、第 IV 番染色体のセントロメア DNA の両側に組換え標的的部位 (RS) を同じ方向に挿入し、ガラクトースにより Rレコンビナーゼの発現を誘導して行う。一倍体では第 IV 番染色体 1 本から切り出すことで、また二倍体では第 IV 番相同染色体の両方から切り出すことで、生存率が大きく低下し、細胞死を誘導することができる (一倍体の生存率: 1.4×10^{-5})。生存率をさらに低下させるために生存細胞が出現する原因を解析した。一倍体の生存細胞 (51 クローン) のセントロメア DNA 近傍の PCR 解析や RS 領域のシーケンス解析から、生存細胞が出現した主な原因は、染色体から RS が 1 個欠失し、切り出しが起こらなかったためと示唆された。RS として使用した DNA の両端に TCGA 配列があり、RS の欠失は、それら 2 個の TCGA 配列を介して起こっている可能性が考えられた。そこで、片方の配列を TA 配列に置換した結果、生存率をさらに低下させることができた (生存率: 2.3×10^{-6})。この時、RS の欠失はある程度抑制されていた。また、生存細胞の中には、セントロメア DNA が切り出された細胞が低い割合で出現した。すなわち、生存細胞 51 クローン中 3 クローンで、TA 配列に置換した場合でも生存細胞 20 クローン中 2 クローンで、セントロメア DNA が切り出されていた。前者の 3 クローンの生存細胞について、第 IV 番染色体上のセントロメア DNA の位置や配列を解析し、出現原因について検討しようとしている。

(20) 糸状菌 *Penicillium decumbens* を用いた燃料アルカンの生産

郷原陽祐、松崎浩明、秦野琢之

第 34 回 YEAST WORKSHOP (松江)、講演要旨集、p. 69 (2016-11)

(21) 出芽酵母における染色体からのセントロメア DNA の切り出し誘導時に出現する生存細胞の解析

平島宗一郎、秦野琢之、松崎浩明

第 34 回 YEAST WORKSHOP (松江)、講演要旨集、p. 70 (2016-11)

(22) 油脂 (triacylglycerol) を分泌する酵母の育種

村川直美、松崎浩明、秦野琢之

第 34 回 YEAST WORKSHOP (松江)、講演要旨集、p. 71 (2016-11)

(23) 酵母 *Saccharomyces cerevisiae* へのセルラーゼ生産能の付与

山崎新平、秦野琢之、松崎浩明

第 34 回 YEAST WORKSHOP (松江)、講演要旨集、p. 72 (2016-11)

(24) 酵母 *Kazachstania naganishii* において生活環を支配する新規遺伝子の解析

宮本晶、杉原千紗、久富泰資

第 34 回 YEAST WORKSHOP (松江)、講演要旨集、p. 36 (2016-11)

(25) ブドウやバラに生息する酵母の分離・解析とオリジナルワインの開発

藤井道則、下野成康、杉原千紗、久富泰資

第 34 回 YEAST WORKSHOP (松江)、講演要旨集、p. 37 (2016-11)

(26) 福山市で栽培されたバラやアズに生息する野生酵母の解析

二神尚行、森脇崇弘、杉原千紗、久富泰資

第 34 回 YEAST WORKSHOP (松江)、講演要旨集、p. 38 (2016-11)

(27) 植物発酵エキスに存在する微生物の解析

海面潤、杉原千紗、久富泰資

第 34 回 YEAST WORKSHOP (松江)、講演要旨集、p. 39 (2016-11)

(28) 酵母 *Kazachstania naganishii* の動原体配列 (*Kn* GEN10) について

高梨友博、杉原千紗、久富泰資

第 34 回 YEAST WORKSHOP (松江)、講演要旨集、p. 40 (2016-11)

B. 総説

(1) A reviews on the process of mammalian faunal assembly in Japan - insight from the molecular phylogenetics.

Jun J. Sato

Species Diversity of Animals in Japan (M. Motokawa and H. Kajihara, eds), Springer Japan pp. 49-116. (2016)

To elucidate the origins of the Japanese mammalian fauna from the perspectives of

biogeography and community ecology, I reviewed molecular phylogenetic and phylogeographic studies for all non-volant terrestrial mammals indigenous to the Japanese Archipelago (63 species), with a particular focus on obtaining reliable chronological data. The results of this review demonstrate that geological vicariance events in the Tsugaru and Korea (Tsushima) Straits can explain the distribution of many Japanese mammals, in particular the Hokkaido-endemic species with Late Pleistocene origins and the Honshu-Shikoku-Kyushu-endemic species with Middle Pleistocene or earlier origins. Phylogenetic relatedness also contributed to the observed patterns of distribution through the processes of competitive exclusion and species assortment, and abiotic environmental filtering was another important factor. Later colonists of Honshu-Shikoku-Kyushu, from northern Hokkaido or the southern Tsushima Islands, were mostly excluded owing to the competitive dominance of earlier residents or environmental filtering. On the other hand, the fragmented distributions of some species with more ancient origins in both Hokkaido and Honshu-Shikoku-Kyushu may be a result of the competitive dominance of later migrants. Ecological coexistence can be achieved by phylogenetically dispersed species, supporting the principle of species assortment. Because almost all aspects of the mammalian faunal assembly in Japan can be explained by geological events and/or community ecological processes, the Japanese Archipelago may be an ideal model island system in which to study the mechanisms of faunal assembly.

(2) The systematics and taxonomy of the world's badger species - A Review.

Jun J. Sato

Badger of the worlds: Systematics, Ecology, Behavior and Conservation (G. Proulx and E. Do Linh San, eds), Alpha Wildlife Publications, Sherwood Park, Alberta, Canada, pp. 1–30. (2016)

Few organisms in the superfamily Musteloidea (Carnivora, Caniformia) have shown more controversial systematic relationships than the badgers. Six genera encompassing 16 species are dubbed “badger”, all of which have strong claws and short powerful limbs adapted to their fossorial lifestyle. Badgers have occasionally been classified into a single subfamily Melinae based on ecomorphological similarities. However, recent molecular phylogenetic studies focusing on multiple nuclear DNA sequences have clarified the presence of 5 polyphyletic badger lineages within the families Mustelidae and Mephitidae. The diverse badger lineages came about through the earliest adaptive diversification

among major mustelid lineages that occurred in the Middle Miocene period. Recent studies on intrageneric variations in the badger genera have also provided progress in badger taxonomy: 1) a recent morphological study found divergent lineages within the genus *Arctonyx*, proposing 3 distinct species, *A. albogularis* (Tibetan and Himalayan regions to eastern and southern China), *A. collaris* (southern China to Southeast Asia), and *A. hoevenii* (Sumatra Island); 2) the existence of 4 separate species was suggested within the genus *Meles* based on morphological and genetic variations: *M. anakuma* (Japan), *M. canescens* (Southwest Asia), *M. leucurus* (Central to East Asia), and *M. meles* (Europe); and 3) a novel species *Melogale cucphuongensis* was discovered in Vietnam on the basis of morphological and genetic analyses. Therefore, a decade of progress in higher and lower levels of systematics and taxonomy of the badgers needs to be reflected in the current classification framework.

(3) 真正細菌フィルミクテス門に属する枯草菌の代謝制御の分子生物学の過去半世紀の展開

藤田泰太郎

化学と生物, 54, 657-667 (2016)

真正細菌フィルミクテス門の枯草菌とプロテオバクテリア門の大腸菌の代謝経路を比較すると、解糖系、糖新生、TCA サイクル、ペントースリン酸回路、アミノ酸・塩基合成などの主要な代謝経路の酵素タンパク質は、糖新生にかかわる酵素タンパク質にオルソログの欠落が見られるが、ほぼ保存されている。しかしながら、枯草菌と大腸菌の分子レベルでの代謝制御機作となると両者の間でほとんど保存されていない。筆者は過去半世紀近く、主に枯草菌のカタボライト制御と緊縮転写制御の分子レベルでの解明に取り組んできた。この長年にわたる研究成果をゲノムの塩基配列決定の迅速化とオミックス解析を含む遺伝子発現解析技法の進展とを絡めて解説する。

C. 著書

(1) 日本のネズミの起源-分子系統学的考察-

佐藤淳

日本のネズミ-多様性と進化(本川雅治 編). 東京大学出版会, pp. 25-43. (2016)
ネズミが属する齧歯目は哺乳類最大の分類群であるため、その進化の道筋を明らかにすることで、哺乳類の種が多様化するうえで鍵となる進化過程を理解するこ

とができる。本章では近年の DNA 塩基配列に基づく分子系統学，および系統地理学的研究において推定された分岐年代，および集団拡散年代に基づき，日本のネズミ類がどのようなプロセスを経て日本列島に定着したのかを探る。さらに，日本産ネズミ類相の形成過程を環境および地質学的変動と群集生態学的な理論を用いて考察する。日本のネズミ類相は，ユーラシア大陸における環境変動（気候変動およびそれにとまなう植生の変化），日本列島周辺の海峡形成，そして近縁種の存在による競争的排除，またはニッチ分化による種選別（Species assortment）といった要因が相互に作用し合うことで形成されたものと考えられる。

D. その他

- (1) 世界を変えた安佐動物公園のレッサーパンダ
佐藤淳
安佐動物公園 すづくり 45 (1): 10-11. (2016-1)
- (2) ワインで地域活性化を 福山六次産業研究会
久富泰資
山陽新聞、2016年2月9日、記事掲載 (2016-2)
- (3) 瀬戸内海の島でネズミは何を食べているのか？
佐藤淳
福山大学グリーンサイエンス研究センター公開講演会 (2016年2月29日 福山大学1号館 01101 大講義室) (2016-2)
- (4) 福山六次産業研究会開催 酵母研究とワイン特区で活性化
久富泰資
経済レポート、2016年3月1日、1942号、p.9、記事掲載 (2016-3)
- (5) パラ酵母の製品化進む 東京都で実証実験に着手
久富泰資
経済レポート、2016年4月10日、1551号、p.12、記事掲載 (2016-4)
- (6) パラ酵母でパン作り ドライイースト化選定
久富泰資
山陽新聞、2016年5月20日、23面、記事掲載 (2016-5)

- (7) 地域とつながる研究者たち1くうんこから里山里海が見えてくる>
佐藤淳
経済レポート 2016年5月20日号 No. 1950 pp18-19 (2016-5)
- (8) 一億総活躍社会と六次産業
山本覚
2016年度福山大学研究成果発表会、特別講演会 (2016-6)
- (9) 福山大学ワインプロジェクト
吉崎隆之
2016年度福山大学研究成果発表会、研究成果発表集 2016年度版、p. 45 (2016-6)
- (10) 遺伝子からみた哺乳類の真実～味覚とウンチと生態系の話～
佐藤淳
福山大学 生命工学部 第16回公開授業～かしこく生きるヒント～ (2016年6月25日 備後地域地場産業振興センター) (2016-6)
- (11) 福山バラの酵母の発見と地域特有なパンの開発
久富泰資
平成28年度第47回広島県私学教育研修会 (福山) (2016-8)
- (12) 成果有体物提供契約
久富泰資
福山ブドウ酵母3株と福山バラ酵母2株、提供先：せらワイナリー、(2016-8)
- (13) ソレノドン 恐竜絶滅後に進化
<http://mainichi.jp/articles/20160828/k00/00e/040/113000c>
佐藤淳
毎日新聞 2016年8月28日 (月) 27面 (北海道) (2016-8)
- (14) Científicos estudian al almiquí, un casi desaparecido mamífero cubano
<http://www.scientificamerican.com/espanol/imagenes-de-la-ciencia/cientificos-estudian-al-almiqui-un-casi-desaparecido-mamifero-cubano/>
佐藤淳

Scientific American en Español 2016年9月2日(金) (2016-9)

- (15) 100%県産ワインに挑む せらワイナリー 福山大学の酵母使用
久富泰資
中国新聞、2016年10月1日、27面、記事掲載 (2016-10)
- (16) 枯草菌でのラムノース輸送に関わる遺伝子群の探索
広岡和丈、井川優望、藤澤聡美、藤田泰太郎
第27回大学間交流会(鳥取)、プログラム・要旨集、p.11、(2016-10)
- (17) 日本動物学会奨励賞 受賞「哺乳類の分子系統と日本産哺乳類の起源の解明。」
佐藤淳
第22回国際動物学会・第87回日本動物学会(沖縄コンベンションセンター、2016年11月17日、宜野湾)要旨集 p.12. (2016-11)
- (18) Transcriptional regulation of a soil bacterium, *Bacillus subtilis*, in response to rhizosphere environment
Kazutake Hirooka
Seminar on Green Sustainable Chemistry in Tottori (鳥取)、要旨集 p.2-3、(2016-11)
- (19) 瀬戸内の里山・里海学～生態系、資源利用、経済循環、そして文化～
佐藤淳
福山大学特別教養講座NHK大学セミナー「里海-SATOUMI-今、中四国の宝“瀬戸内海”を知ろう！」大学研究ブランディング 説明(2016-12)
- (20) 哺乳類の進化 DNAで迫る 福山大・佐藤准教授が奨励賞
佐藤淳
中国新聞2016年12月15日(木) 26面 福山(2016-12)