



The 3rd SU-CNU Joint Symposium

グリーンサイエンス  
カフェ2024(前半)

「The 3rd SU-  
CNU Joint  
Symposium」報告

学術活動、国際交流

受賞

## 特集1 : 微生物のゲノム情報から見出した新規 $\alpha$ -グルカン分解酵素の機能と立体構造の解明

生物分子機能研究コア 准教授 宮崎 剛垂 P.2

## 特集2 : イネの安定多収生産に寄与する遺伝子の同定とそれらをもつスーパーコシヒカリ品種群の育成

植物ゲノミクス研究コア 教授 富田 因則 P.5

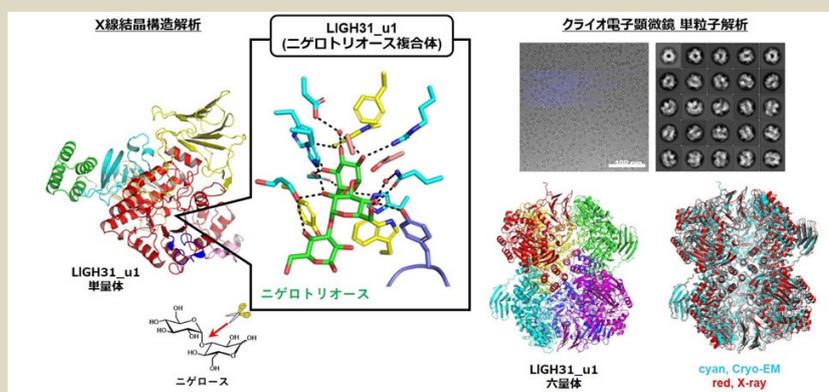


図4.  
LIGH31\_u1のX  
線結晶構造とクラ  
イオ電顕構造

## 研究業績トピック

- 報道
- 科研費
- 外部資金
- 特許



# 微生物のゲノム情報から見出した新規 $\alpha$ -グルカン分解酵素の機能と 立体構造の解明

生物分子機能研究コア 准教授 宮崎 剛亜

## はじめに

グルコースは自然界に最も多く存在する単糖であり、重合によって澱粉やグリコーゲン、セルロースといった多糖を形成します。これらは異なる物理化学的性質や生理機能を有していますが、それはグルコースが異なる結合様式によって重合していることに起因します(図1)。澱粉は $\alpha$ -1,4結合によって連なった主鎖に、 $\alpha$ -1,6結合の枝分かれ構造を有している植物由来の多糖( $\alpha$ -グルカン)です。ヒトを含む多くの生物は澱粉の $\alpha$ -1,4結合を分解する酵素である $\alpha$ -アミラーゼやその分解物であるマルトオリゴ糖の $\alpha$ -1,4結合を分解してグルコースを生成する酵素である $\alpha$ -グルコシダーゼ(マルターゼ)を有しているため、分解して栄養源とすることができます。一方で、一部の乳酸菌は $\alpha$ -1,2、 $\alpha$ -1,3、 $\alpha$ -1,6結合を含む $\alpha$ -グルカンを、真菌(カビやキノコ)は $\alpha$ -1,3、 $\alpha$ -1,4結合を含む $\alpha$ -グルカンを菌体外に産生します。 $\alpha$ -1,4や $\alpha$ -1,6結合を加水分解する酵素の研究は $\alpha$ -アミラーゼをはじめとして数多く存在しているものの、 $\alpha$ -1,2や $\alpha$ -1,3結合に特異的な酵素の研究例は極めて少ないです(1)。

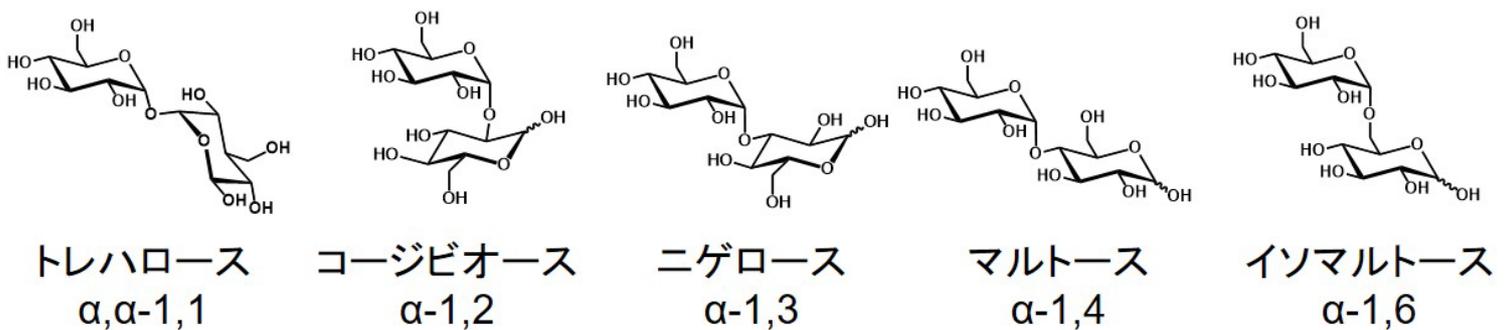


図1. グルコースの結合様式の例( $\alpha$ -グルコ二糖)

私たちのゲノム情報より、糖質を分解・合成する新規活性酵素を探索し、有用機能性糖質を創出することを目的として研究を行っています。糖質加水分解酵素(GH)はアミノ酸配列相同性に基づいて180以上のファミリー(2024年9月現在、GH1~GH189)に分類され、CAZyデータベース(<http://www.cazy.org/>)にまとめられています。既知のGHとのアミノ酸配列相同性が低い(30%以下)微生物由来機能未知タンパク質をデータベースから見出し、生化学的手法による反応・基質特異性の解析やX線結晶構造解析とクライオ電子顕微鏡を用いた分子構造の解明を進めています。最近、 $\alpha$ -1,2や $\alpha$ -1,3結合に特異性の高いGHを微生物のゲノム情報から発見し、その立体構造と酵素が関わる細菌の新しい糖質代謝系を解明することに成功したので紹介します。

## $\alpha$ -1,2-グルコシダーゼの構造と機能

GH65は $\alpha$ -グルコシド結合に作用する酵素で構成されているファミリーです。真核生物由来酵素はすべてGHですが、細菌由来酵素はすべて糖質加リン酸分解酵素(GP)であることが知られています。GH65のGPの中にはマルトース、コージビオース、ニゲロースといった $\alpha$ -グルコ二糖に特異的な酵素があり、GPは反応が可逆的であることからオリゴ糖の酵素合成研究が進められてきた背景があります。このことから、さらに新しい有用酵素を得ようと考え、既知酵素とアミノ酸配列相同性が30%程度の機能未知タンパク質に着目し、キチンなどの多糖分解能を持つ土壌細菌*Flavobacterium johnsoniae*由来のタンパク質(FjGH65A)を研究対象としました。大腸菌宿主発現系で調製した組換えFjGH65Aを用いて、基質スク

リーニングを行ったところ、予想外なことにコージビオースの $\alpha$ -1,2結合を加水分解するGHであることが分かりました。FjGH65AのX線結晶構造解析に成功し、FjGH65Aが加リン酸分解反応ではなく、加水分解反応を触媒するために重要なアミノ酸残基(一般塩基触媒残基)を保持していることがわかりました(図2)(2)。コージビオース特異的なGHはこれまでに知られていなかったため、国際生化学分子生物学連合の酵素委員会の審議により、新しい酵素番号(EC 3.2.1.216)が与えられ、*kojibiose glucohydrolase* (configuration inverting)という系統名が付くことになりました。

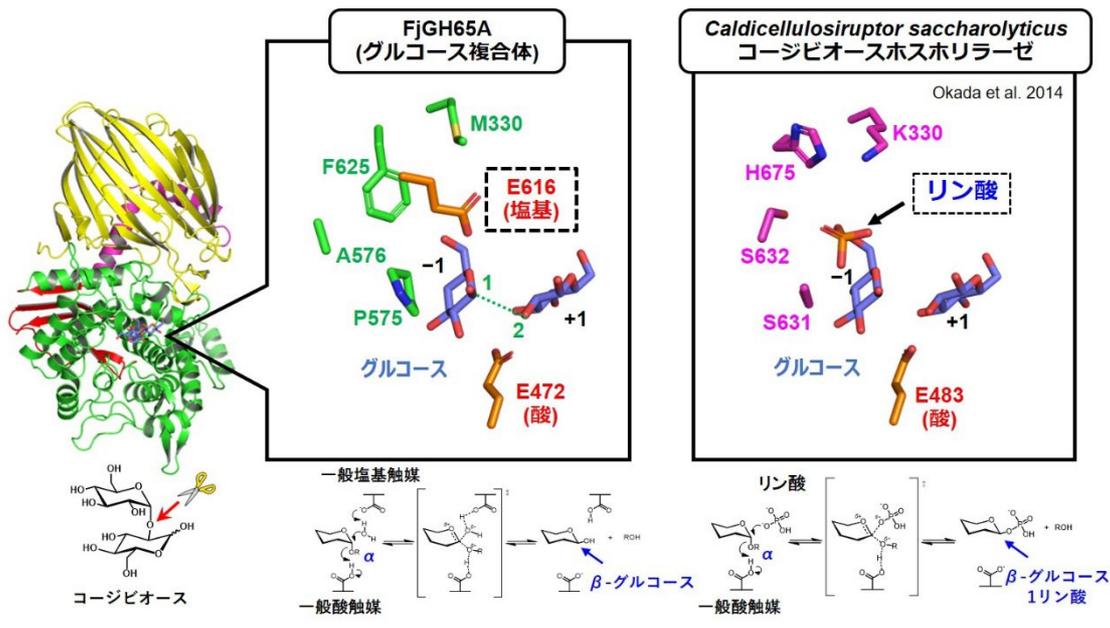


図2. FjGH65A( $\alpha$ -1,2グルコシダーゼ:GH)の立体構造とコージビオースホスホリラーゼ(GP)との比較

FjGH65Aの基質であるコージビオースは、麴や酒などからごく微量に見出される希少なオリゴ糖です。*F. johnsoniae* が積極的にコージビオースを分解してエネルギー源を得ているとは考えにくかったため、FjGH65A遺伝子の周辺の遺伝子に着目しました。FjGH65A遺伝子は、多糖資化遺伝子群(PUL)と呼ばれる多糖を分解して取り込むための酵素・タンパク質の遺伝子クラスターを形成していました。様々な解析の結果、これらの酵素・タンパク質は、乳酸菌 *Leuconostoc citreum* S-32株が産生する $\alpha$ -1,2や $\alpha$ -1,3結合の枝分かれ構造をもつデキストラン(多分岐デキストラン)が培地中に存在しているときに発現が誘導され、協同して多分岐デキストランを捕捉・分解し菌体内に取り込んでいたと考えられました(図3)(3,4)。

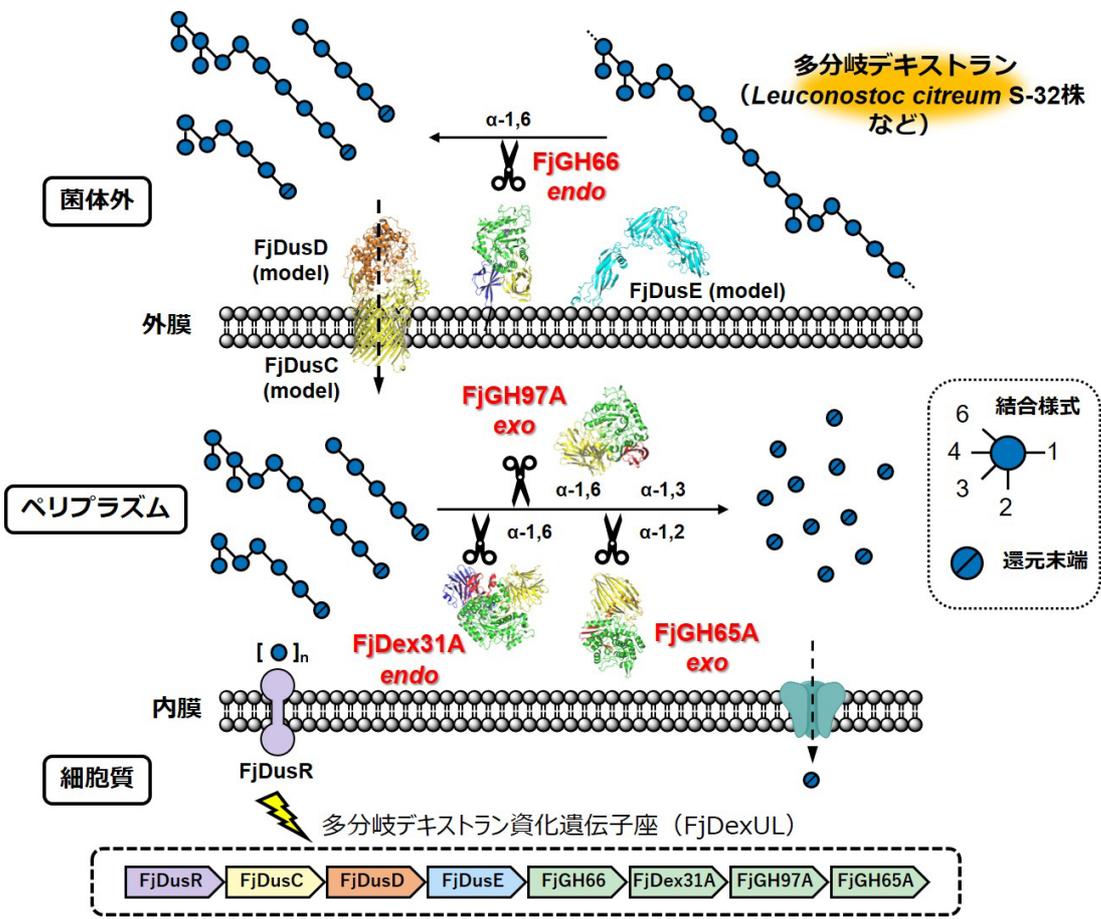


図3. *F. johnsoniae* の推定多分岐デキストラン資化機構

## α-1,3-グルコシダーゼの構造と機能

GH31は細菌、アーキア、真核生物由来のタンパク質が属している巨大なファミリーであり、α-1,4結合を主に分解するα-グルコシダーゼ(マルターゼ)のほか、α-キシロシダーゼ、α-ガラクトシダーゼ、糖転移反応を触媒するトランスグリコシダーゼといった反応・基質特異性の異なる酵素が数多く報告されています。GH31タンパク質の分子系統解析から、既報のGH31酵素と配列相同性が25%未満の機能未知タンパク質群(GH31\_u1)を見出し、この中から乳酸球菌*Lactococcus lactis* subsp. *cremoris* とサナギタケ*Cordyceps militaris* 由来のGH31\_u1タンパク質(LIGH31\_u1とCmGH31\_u1)を選択し、大腸菌宿主発現を行い、基質特異性を調べました。これらはニゲロースのα-1,3結合に最も高い加水分解活性を示し、次いでコージビオース(13%)、マルトース(2.1%)、イソマルトース(<1%)の順で活性を示し、トレハロースにはまったく活性を示しませんでした。これは既報のα-1,3-グルコシダーゼより基質特異性が厳密でした。さらにLIGH31\_u1のX線結晶構造解析とクライオ電子顕微鏡単粒子解析にも成功し、本酵素は六量体であることが分かりました(図4)。X線結晶構造解析で、基質との複合体構造を解明し、α-1,3結合であるニゲロース構造をよく認識する活性ポケットを形成していることが分かりました。ニゲロースは、酒などから微量に見出されるオリゴ糖ですが、先に述べた通り、一部の乳酸菌が作るα-グルカンに含まれる構造です。GH31\_u1遺伝子はムタン(α-1,3/1,6-グルカン)を産生する齧蝕菌*Streptococcus mutans* も保有しています。したがって、細菌や真菌が作るα-1,3結合を含むα-グルカンやそれに由来するオリゴ糖の分解に関わっている可能性が考えられます(5)。

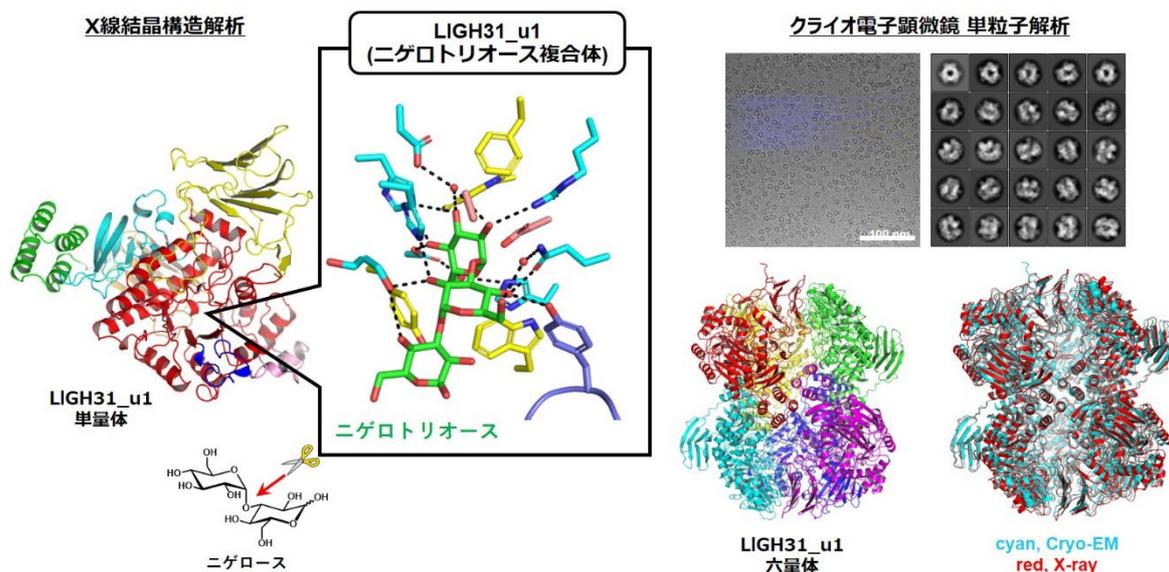


図4. LIGH31\_u1のX線結晶構造とクライオ電顕構造

## おわりに

近年、*Leuconostoc* 属乳酸菌の多分岐デキストランがプレバイオティクス効果を示すことが報告されています。しかし、種や株によって結合様式や分岐頻度が異なるため、正確な構造を知るのが困難です。本研究で見出した基質特異性の厳密なGHは、このような複雑な多糖構造の解析に利用できると考えています。また、他の細菌が産生する多糖を対象とした細菌資化経路の報告例は非常に限られているため、細菌間相互作用などの解明にもつながると考えています。

### 参考文献

1. Miyazaki, T., Glycoside hydrolases active on microbial exopolysaccharide α-glucans: structures and function. *Essays Biochem.*, **67**, 505-520, 2023.
2. Nakamura, S. et al., Structure of a bacterial α-1,2-glucosidase defines mechanisms of hydrolysis and substrate specificity in GH65 family hydrolases. *J. Biol. Chem.*, **297**, 101366, 2021.
3. Nakamura, S. et al., Bacteroidota polysaccharide utilization system for branched dextran exopolysaccharides from lactic acid bacteria. *J. Biol. Chem.*, **299**, 104885, 2023.
4. Nakamura, S. et al., Structural insights into α-(1→6)-linkage preference of GH97 glucodextranase from *Flavobacterium johnsoniae*. *FEBS J.*, **291**, 3267-3282, 2024.
5. Ikegaya, M. et al., Structural basis of the strict specificity of a bacterial GH31 α-1,3-glucosidase for nigerooligosaccharides. *J. Biol. Chem.*, **298**, 101827, 2022.

# イネの安定多収生産に寄与する遺伝子の同定とそれらをもつ スーパーコシヒカリ品種群の育成

植物ゲノミクス研究コア 教授 富田 因則

## 1. 地球温暖化によるコメの損害リスクを低減する

地球温暖化に伴う気候変動の下、多発する台風、大雨、サイクロン、ハリケーン等によって世界的に農作物が損傷を受けている。我が国では令和5年に台風2号、7号、13号等の大型台風が線状降水帯を伴って暴風雨を発生させ、我国作付面積の33%に及ぶ「コシヒカリ」をはじめ、イネが倒伏や浸水で損壊し、減収した。加えて、観測史上最高気温の下で1等米比率が過去最低になり、現在、コメが品薄となって価格が高騰している。かつての「緑の革命」によって1960年代～1990年代に世界のイネの単収は倍増し、20世紀最大の育種の成果を上げたが、「緑の革命」はただ1種類の短稈遺伝子 *sd1* に依存するものであったため、現在の生産性は頭打ちである。したがって、気候変動で激化する暴風、水害による倒伏を防止し、増大する飢餓人口を賄うため、強靱で多収化し、高温障害を受けないコメに改変する「新・緑の革命」が求められている。

著者は、地球温暖化対策に有効な性質、すなわち、強靱性や多収をもたらす短稈、バイオマス増大、大粒等の形態形質、猛暑期の高温障害の低減に役立つ早晩生などに関する遺伝子を、これまで育種に未利用で埋もれていた遺伝資源から探索した。すなわち、それらの有望形質をコシヒカリに戻し交雑で移入する過程で遺伝様式を明らかにするとともに、独自に構築したコシヒカリの全ゲノム配列を基にして、各形質を移入した同質遺伝子系統の全ゲノム配列を決定し、当該遺伝子の候補DNAの同定を試みた。その結果、背丈を約20 cm低くして倒伏を防止する遺伝子 *d60*<sup>[1-3]</sup>、粒重を34%増加する大粒遺伝子 *GW2*<sup>[4]</sup>、開花を2週間遅くする晩生遺伝子 *Hd16*<sup>[5]</sup>、2週間早める時無し性遺伝子 *e1*<sup>[6]</sup> 等を同定した。さらに、これらのシーズ遺伝子群をコシヒカリのゲノムに相加的に組合せて、台風で倒伏しない強靱性や高収量ポテンシャルをもち、早晩生化によって猛暑を避け、気候危機の下で安定生産可能なコシヒカリの改変品種群を開発した<sup>[4-11]</sup>。

## 2. 遺伝様式が不明の突然変異から短稈遺伝子 *d60* の発見と利活用

「コシヒカリ」の突然変異系統「北陸100号」から稈を20 cm短くして倒伏に強く、*sd1*に代わりうる新規の短稈遺伝子 *d60* (第2染色体短腕10.3 Mbに座乗) を発見<sup>[1-3]</sup>した。「北陸100号」は育成当初、短強稈の遺伝資源として期待されたが、その短強稈性がポリジーン支配と考えられたため、交配母本としての利用が敬遠されていた。しかし、著者は「北陸100号」と「コシヒカリ」との交雑後代  $F_2 \sim F_4$  を用いた遺伝解析により、 $F_2$ において短稈がメンデル分離の1/4から著しく少なく過少分離することと長稈型個体に部分不稔個体が含まれることから、*d60*と配偶子致死遺伝子 *gal* (第5染色体短腕7.0 Mbに座乗) による補足配偶子致死モデルによって短稈:長稈=1:8に分離する法則を見出し(Fig. 1)、「北陸100号」の短強稈は *d60* 単遺伝子支配であることを明らかにした<sup>[1,2]</sup>。補足配偶子致死に関して、雄性配偶子は第一分裂後に栄養核が消失して致死すること、および *gal* が日印品種を問わず普遍的に存在することを明らかにし、*d60* はガンマ線照射によって *gal* が配偶子致死作用のない *Gal*へ同時変異したことによって後代に遺伝した自然界に存在しない貴重な遺伝子

であることを明らかにした<sup>[1-3]</sup>。*d60*の子実収量に及ぼす効果については、連続戻し交雑(9回)によって *d60* を導入した「コシヒカリ *d60*」と「十石」の *sd1* を導入した「コシヒカリ *sd1*」<sup>[10]</sup>との比較により、*d60*が *sd1*に代わりうることを示した<sup>[12]</sup>。さら

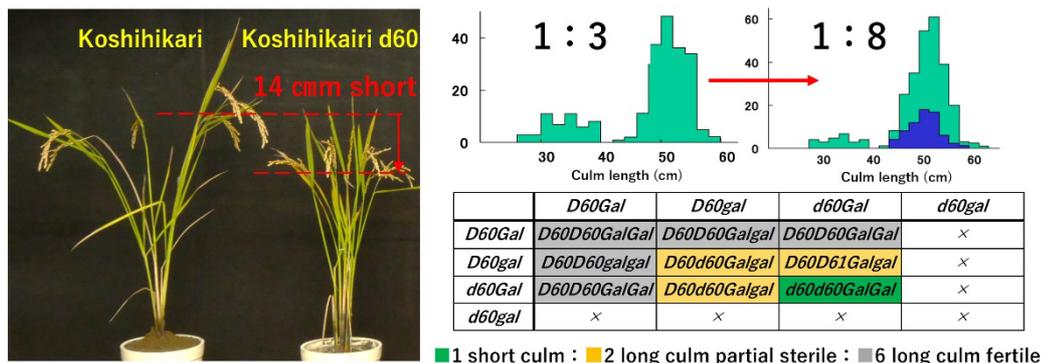


Fig. 1. Gene segregation of novel short culm gene *d60* based on the complementary gametic lethal mode between *d60* and *gal*.

に、d60を品種Aに導入する場合、F1(長稈・部分不稔:D60d60Galgal)個体にAを戻し交雑するとBCnF1で1/3の頻度で出現する二重ヘテロのD60d60Galgal型部分不稔個体を用いて部分不稔個体への戻し交雑を繰り返し、BCnF2でd60d60Galgal個体を得る方法により、d60の育種利用を確立した[11]。大粒遺伝子GW2とd60を併せもつ新品种「コシヒカリd60Gg」[4]は大粒で海外産コシヒカリと区別でき、新潟コシヒカリ並食味でd60により20 cm低くて穂重でも倒伏せず、普及している。Hd16によってコシヒカリより14日晩生化して高温障害を避け、d60によって20 cm短稈で台風に強い「コシヒカリd60Hd16」は10府県で生産力試験に採用され、全国作付け3位の「ヒノヒカリ」、同9位の「きぬむすめ」より食味、収量が上回った[9]。d60に不感光性遺伝子e1を組合せて北海道に適した極早生・短稈の「コシヒカリe1d60」、多稈化させるBmsを組合せた強靱・多収の「コシヒカリd60Bms」他24種 of 多様な遺伝子型を開発し、社会実装化した。日本農業新聞1面で「高温障害避ける”スーパーコシ”6品種実証」と報道された[13]。中国江蘇省科学技術局ではこれらの品種を普及する意向である。

### 3. 遺伝子集積による気候変動に強いスーパーコシヒカリの開発

短稈の在来種「豊コシヒカリ」に「コシヒカリsd1(Jukkoku\_sd1) 品種名ヒカリ新世紀」<sup>[10,14]</sup>をテスターとして交雑したF<sub>2</sub>(Fig. 2)で二重短稈型が分離し、さらに二重短稈個体の「コシヒカリsd1」への戻し交雑を続ける過程で、sd1ホモ型短稈と二重短稈が3:1に分離したことから、「豊コシヒカリ」がsd1とは非対立で二重短稈をもたらす短稈遺伝子d65を持つことが分かった。d65によって15%短稈で穂数23%増となり、sd1との二重短稈では35%短稈で穂数32%の著しい多稈効果がある遺伝子である(Table 1)。一方、「関東79号」×「コシヒカリsd1」とのF<sub>2</sub>で分離した極早生・短稈個体を1回親、「コシヒカリ」を反復親とする戻し交雑によって「コシヒカリe1sd1」を育成し、その全ゲノム解析と関東79号×日本晴における極早生の連鎖解析によって「関東79号」は第7染色体に極早生遺伝子e1を持つことが分かった<sup>[6]</sup>。

そこで、気候危機の下で植物工場での生産を可能にするため、14日早生化する極早生遺伝子e1をsd1とd65との二重短稈に組み合わせた。まず、「コシヒカリe1」×「コシヒカリd65」(BC<sub>5</sub>F<sub>2</sub>)のF<sub>2</sub>で分離した極早生・短稈個体をコシヒカリに戻して交雑して「コシヒカリe1d65」を育成した。さらに、「コシヒカリsd1」×「コシヒカリe1d65」(BC<sub>6</sub>F<sub>2</sub>)のF<sub>2</sub>

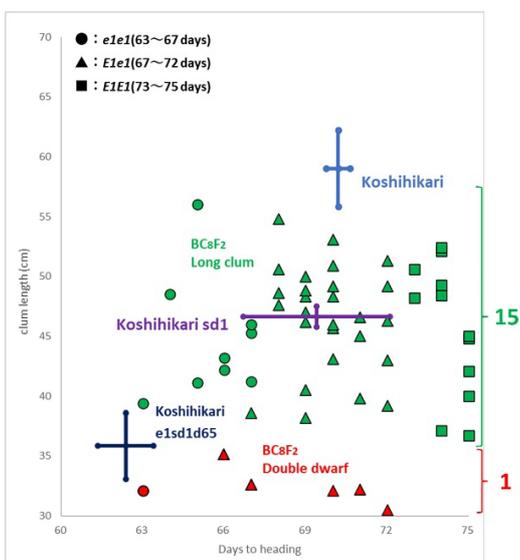


Fig. 3. Relationship of days to heading and culm length in BC<sub>8</sub>F<sub>2</sub> of Koshihikari×Koshihikarie1sd1d65(BC<sub>7</sub>F<sub>2</sub>). BC<sub>8</sub>F<sub>2</sub> plants of Koshihikari×Koshihikarie1sd1d65(BC<sub>7</sub>F<sub>2</sub>) segregated in a ratio of 15(long culm (37-56 cm)):1(double dwarf (31-35cm)). Moreover, double dwarf segregated in a ratio of 3(early flowering(63 days))(■):1(late flowering(67-72 days))(●).

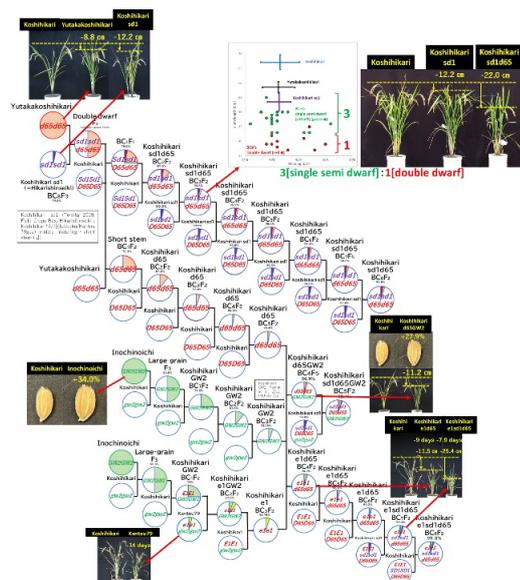


Fig. 2. Development of 「Koshihikari sd1d65」, 「Koshihikari d65GW2」, 「Koshihikari e1sd1d65」.

分離した最も短稈(33 cm)で早生の1個体(e1sd1d65)をコシヒカリに戻し交雑したBC<sub>8</sub>F<sub>2</sub>において、稈長が28[(Sd1ホモ+Sd1sd1)+(D65ホモ+D65d65)(46~56 cm)]:20[3((Sd1ホモ+Sd1sd1)+(d65ホモ))+3((sd1ホモ)+(D65ホモ+D65d65))(37~45 cm)](緑 長稈型):6[sd1d65ホモ(31~35 cm)](赤 二重短稈型)の二遺伝子分離を示した。さらに1/16分離した二重短稈型において、e1アレルについて到穂日数で類型化した結果、1極早生型(e1ホモ:63日)(●):5中間型(E1e1:67~72日)(▲):0正常型(E1ホモ)(■)に分離した(Fig. 3)。このうち、二重短稈・極早生型の「コシヒカリe1sd1d65」を選抜した。一方、d65に粒重を34%増加させる大粒遺伝子GW2<sup>[6]</sup>を組み合わせると「コシヒカリd65GW2」(BC<sub>5</sub>)を育成し、さらに、sd1を組み合わせると大粒・二重短稈の「コシヒカリsd1d65GW2」を育成した。(Fig. 4)

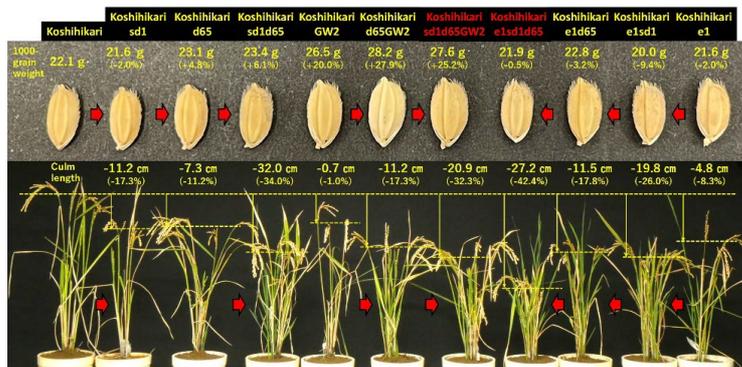


Fig. 4. Phenotypic alternation of Koshihikari sd1d65GW2 and Koshihikari e1sd1d65

全ゲノム解析により遺伝子の移入状況を調査した。「コシヒカリsd1d65」(BC<sub>8</sub>)、「コシヒカリe1sd1d65」(BC<sub>8</sub>)には1回親に由来する第1染色体の Jukkoku sd1(2,743bp)周辺に存在するそれぞれ 563,600 bp、521,758 bpのDNA断片、「コシヒカリd65GW2」(BC<sub>5</sub>)には第2染色体のGW2(6,428 bp)周辺に663,661 bpのDNA断片が存在する以外は、ゲノム全域でSNPsの頻度は1.3~3.3個/Mbと極めて少なく、いずれの同質遺伝子系統もコシヒカリのゲノムに置換されていた(Fig. 5)。

Jukkoku\_sd1周辺のDNA断片の大きさが「コシヒカリe1sd1d65」のBC<sub>7</sub>からBC<sub>8</sub>にかけて1,050,338 bp(1.05 cM)、GW2周辺のDNA断片が「コシヒカリd65GW2」のBC<sub>4</sub>からBC<sub>5</sub>にかけて844,340 bp(0.84 cM)減少し、戻し交雑が一世代進むにつれて1回親由来のDNA断片は約1 cM縮減していた。

「コシヒカリ」に対して、「コシヒカリd65」の精玄米重は18.6%増加し、二重短稈の「コシヒカリsd1d65」に大粒遺伝子GW2を組み合わせた「コシヒカリsd1d65GW2」は、20.9cm(32%)短稈で倒伏に強く、穂数が1.6倍、玄米千粒重が1.3倍、精玄米重が1.2倍に増加して、著しい多収となった(Table 1)。二重短稈に不感光性遺伝子e1を加えた「コシヒカリe1sd1d65」は時無し性の極早生で、27.2cm(42%)短稈になり、植物工場における促成栽培用に期待される。コシヒカリd65(さちいっばい)、sd1d65(コシ泉水)は品種登録審査が完了し、審査中のコシヒカリd65GW2は大阪府などで生産力検定試験が行われている。これまで上記のように遺伝子を相加的に組合わせた24種類の「コシヒカリ同質遺伝子品種」を育成している。初の短稈コシヒカリ「ヒカリ新世紀」は国の品種銘柄になった。

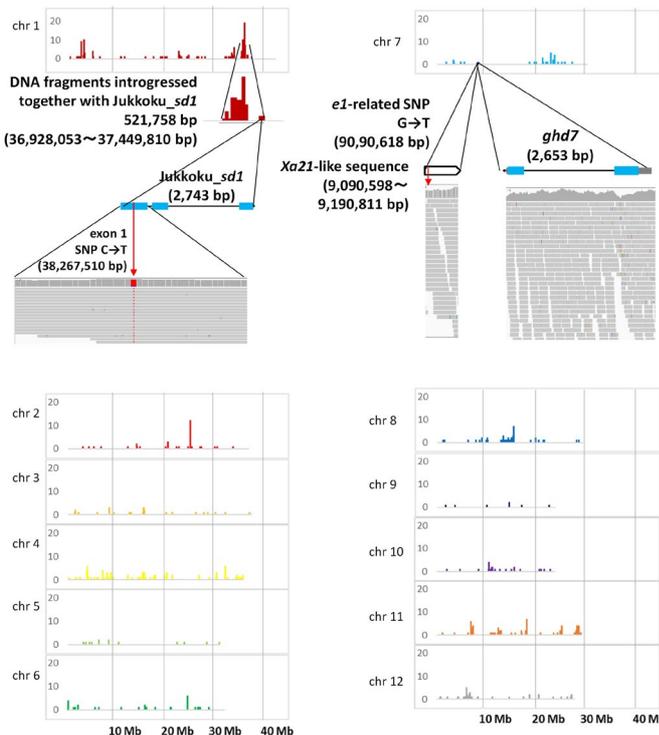


Fig. 5. Frequency distribution of SNPs detected by whole genome sequencing of isogenic Koshihikari combining sd1, d65, e1 and GW2, namely, Koshihikari e1sd1d65 (BC<sub>8</sub>).

	Clum length (cm)	Panicle length (cm)	Days to Heading	No. Panicle (number/m <sup>2</sup> )	No. grain (10 <sup>3</sup> number /m <sup>2</sup> )	1000-grain weight (g/10 <sup>3</sup> number)	Grain yield (kg/10 a)
Koshihikari	64.7	15.3	62.2	281.1	18.6	22.1	410.1
Koshihikari sd1 (changes to Koshihikari)	53.5	14.2	65.4	301.1	19.0	21.6	409.7
	(-17.3%)	(-6.7%)	(+5.2%)	(+7.1%)	(+2.0%)	(-2.0%)	(+1.1%)
Koshihikari d65(BC <sub>4</sub> )	57.4	15.6	63.5	308.6	18.2	23.1	419.1
	(-11.2%)	(+2.2%)	(+2.1%)	(+9.8%)	(-2.4%)	(+4.8%)	(+2.2%)
Koshihikari sd1d65(BC <sub>5</sub> )	42.7	13.4	64.5	331.2	20.7	23.4	484.3
	(-34.0%)	(-12.2%)	(+3.7%)	(+17.8%)	(+11.3%)	(+6.1%)	(+18.1%)
Koshihikari GW2(BC <sub>2</sub> )	64.0	12.7	65.4	281.1	14.3	26.5	377.3
	(-1.0%)	(-17.0%)	(+5.2%)	(±0.0)	(-23.0%)	(+20.0%)	(-8.0%)
Koshihikari d65GW2(BC <sub>4</sub> )	53.5	15.4	62.4	268.6	12.9	28.2	363.4
	(-17.3%)	(+0.9%)	(+0.3%)	(-4.5%)	(-30.8%)	(+27.9%)	(-11.4%)
Koshihikari sd1d65GW2(BC <sub>5</sub> )	43.8	15.4	65.0	451.6	17.7	27.6	489.8
	(-32.3%)	(+0.9%)	(+4.6%)	(+60.7%)	(-4.8%)	(+25.2%)	(+19.4%)
Koshihikari e1sd1d65(BC <sub>8</sub> )	37.2	12.9	57.2	342.6	14.2	21.9	298.6
	(-42.4%)	(-15.8%)	(-8.0%)	(+21.9%)	(-23.4%)	(-0.5%)	(-27.2%)
Koshihikari e1d65(BC <sub>4</sub> )	53.2	11.9	53.2	360.1	14.7	22.8	333.8
	(-17.8%)	(-22.2%)	(-14.5%)	(+28.1%)	(-21.1%)	(+3.2%)	(-18.6%)
Koshihikari e1sd1(BC <sub>8</sub> )	47.9	12.0	54.9	360.1	19.2	20.0	383.0
	(-26.0%)	(-21.6%)	(-11.7%)	(+28.1%)	(+3.1%)	(-9.4%)	(-6.6%)
Koshihikari e1(BC <sub>2</sub> )	59.9	11.7	52.2	286.0	14.0	21.6	301.5
	(-8.3%)	(-23.4%)	(-16.0%)	(+18.8%)	(-7.3%)	(-1.4%)	(-8.6%)

Table 1. Phenotypic performance of isogenic Koshihikari combining GW2 or e1 with double dwarf genotype by sd1 and d65. Compared to Koshihikari, Koshihikari sd1d65GW2 was 20.9cm shorter, 1.6 times of number of panicles, 1.3 times of 1000-grain weight, and 1.2 of times grain yield(kg/10a) and Koshihikari e1sd1d65 flowered 6 days earlier and was 27.2cm shorter than Koshihikari.

本研究は、JSTの研究成果最適展開プログラムA-STEPハイリスク挑戦タイプ、大学発新産業創出プログラムSTART フェーズ1、及び、生物系特定産業技術研究センター(BRAIN)のスタートアップ総合支援プログラム フェーズ2(JPJ010717)の支援を受けて行った。A-STEPでは「目的遺伝子が多く同定、蓄積され、遺伝子解析技術と組合せた迅速な方法論により目的品種が作出」、STARTでは「品種改良の成果とそれに基づく特許化、学術的成果ともに優れた成果」と評価された。農研機構は、政府のスタートアップ育成政策に則って、本研究が静岡大学を拠点に大学発スタートアップとして継続することを要請している。

- 1) Tomita, M., Tanaka, J. Semidwarf gene *d60* affected by ubiquitous gamete lethal gene *gal* produced rare double dwarf with *d30* via recombination breaking repulsion-phase linkage on rice chromosome 2. *Genes* 10: 874 (2019).
  - 2) Tomita, M., Tanisaka, T. The gametic non-lethal gene *Gal* on chromosome 5 is indispensable for the transmission of co-induced semidwarfing gene *d60* in rice. *Biology* 8: 94 (2019).
  - 3) Tomita, M., Kamiya, K., Nakayama, K. Rice novel useful semidwarf gene *d60* on chromosome 2 causing pleiotropically gamete abortion. *bioRxiv* 2024/600879 (2024).
  - 4) Tomita, M., Yazawa, S., Uenishi, Y. Identification of rice large grain gene *GW2* by whole-genome sequencing of a large grain-isogenic line integrated with japonica native gene and its linkage relationship with the co-integrated semidwarf gene *d60* on chromosome 2. *Int. J. Mol. Sci.* 20: 5442 (2019).
  - 5) Tomita, M., Obara, Y. Year-round flowering gene *e1*, a mutation at the *E1* locus on rice chromosome 7, and its combination with Green Revolution gene *sd1* in an isogenic cell line. *Gene* 815: 146166 (2022).
  - 6) Tomita, M., Tokuyama, R., Matsumoto, S., Ishii, K. Whole genome sequencing revealed a late-maturing isogenic rice Koshihikari integrated with *Hd16* gene derived from an Ise Shrine mutant. *Int. J. Genomics* 2021:4565977 (2022)
  - 7) Tomita, M., Ebata, H., Nakayama, K. Large grain and semidwarf isogenic rice Koshihikari integrated with *GW2* and *sd1*. *Sustainability* 14:11075 (2022).
  - 8) Tomita, M., Tokuyama, R. Isogenic Japonica rice Koshihikari integrated with late flowering gene *Hd16* and semidwarfing gene *sd1* to prevent high temperature maturation and lodging by typhoon. *Life* 12:1237 (2022)
  - 9) Tomita, M., Honda, T. A semidwarf and late-flowering isogenic Koshihikari *d60Hd16*: development, productivity, and regional suitability revealed by correlation-based network analysis. *bioRxiv* 2024/597026 (2024).
  - 10) Tomita, M. Introgression of Green Revolution *sd1* gene into rice super cultivar Koshihikari to create novel semidwarf cultivar 'Hikarishinseiki'. *Field Crops Res.* 114: 173-81 (2009).
  - 11) Tomita, M. Combining two semidwarfing genes *d60* and *sd1* for reduced height in 'Minihikari', a new rice germplasm in the 'Koshihikari' genetic background. *Genet. Res. Cambridge* 94: 235-244 (2012).
  - 12) Tomita, M., Ishimoto, K. Rice novel semidwarfing gene *d60* can be as effective as Green Revolution gene *sd1*. *Plants* 8: 464 (2019).
  - 13) 日本農業新聞2023年9月28日朝刊全国版第1面およびWeb版「高温障害避ける”スーパーコシ” 晩生など6品種実証 静岡大学」
  - 14) Tomita, M. Genomics-driven development of Jukkoku\_ *sd1*-introgressed isogenic rice Koshihikari USDA 201000072. *Crop Breed. Genet. Genomics* 6: e240002 (2024).
- 【農林水産省登録水稻品種(登録年)出願番号\*】1) Hikarishinseiki (米国農務省 2013), 2) コシヒカリ駿河 Hd16(2021), 3) コシヒカリ駿河 d60Hd16(2021), 4) コシヒカリ駿河 Gg(2021), 5) コシヒカリ駿河 d60Gg(2021), 6) コシヒカリ駿河 e1Gg(2021), 7) コシヒカリ駿河 d60Bms(2022), 8) コシヒカリ駿河 d65Bms(2022), 9) コシヒカリ駿河 sd1Bms(2024), 10) d65Gw(2019)34597 \* , 11) sd1Gw(2021)35370 \* , 12) e1sd1(2021)35381 \* , 13) d65GwBms(2022)36136 \* , 14) e1d65(2022)36160\*, 15) sd1Hd16(2024)37216\*, 16) e1d60 (2024)37361\*

## 令和5年度グリーン科学技術研究所プロジェクト研究 成果報告

グリーン科学技術研究所では、研究所内外での共同研究を進め、研究力向上と研究成果の社会実装を推進するため、令和元年度よりプロジェクト研究をスタートさせました。

この研究プロジェクトは、研究所内外での共同研究を推進するため、他学部や他機関・他大学の研究者が参画できるようになっています。また、研究所員から応募があった研究課題を選定し、採択された研究課題にプロジェクト研究費を支援しました。

※所属、役職は令和5年度当時

### 研究課題：B型肝炎ウイルス粒子形成を阻害するペプチド性カプシド集合阻害剤の創出

研究代表者：鳴海 哲夫 准教授（グリーン分子創造技術研究コア）

研究分担者：鈴木 哲朗 教授（浜松医科大学）

：佐藤 浩平 助教（グリーン分子創造技術研究コア）

#### 研究概要

B型肝炎は、HBVが肝臓に感染し、肝硬変や肝細胞癌へ進展するウイルス性感染症である。現在の抗ウイルス療法ではHBVを完全に排除することが難しく、新たな作用機序を持つ阻害剤の創製求められている。報告者らはR3年度のプロジェクト研究において、HBV創薬の重要な創薬標的であるHBVカプシドをターゲットとして、中分子ペプチドを基盤とする創薬研究を行い、マイクロモラーオーダーでHBVカプシド形成を阻害する2種のシードペプチドを見出している。本研究では、これらシードペプチドの構造解析、MD計算による結合様式の解明、GLS4耐性を持つ変異タンパク質による阻害活性評価を行なった。さらに、アラニンスキャニング法による責任アミノ酸を同定し、それら知見をもとに環状ペプチドに構造展開することで、約10倍強い阻害活性を示す環状ペプチドを複数見出すことに成功した。

今後は、環状ペプチドの側鎖アミノ基を構造展開することで、ナノモラーオーダーのEC50値を示す高活性阻害ペプチドの創製研究を進める予定である。

#### 研究成果

【アラニンスキャニング法による責任アミノ酸の同定】 R3年度に見出したシードペプチド19および20の粒子形成阻害に重要なアミノ酸残基を同定するために、各アミノ酸をアラニンに置換した全30種の変異ペプチドを合成し、阻害活性を評価した。その結果、ペプチド19では、8番目のアルギニン（R）をアラニンに置換した変異ペプチドの阻害率が、ペプチド19と比較して大きく低下した（Figure 1）。一方、ペプチド20では、リジン（K）、アルギニンおよびグルタミン（Q）をアラニンに置換した変異体ペプチドの阻害率が、ペプチド20と比較して大きく低下した。このことから、シードペプチドにおける3つのアミノ酸残基（K, R, Q）は、特に粒子形成阻害に重要なアミノ酸残基であることが明らかとなった。

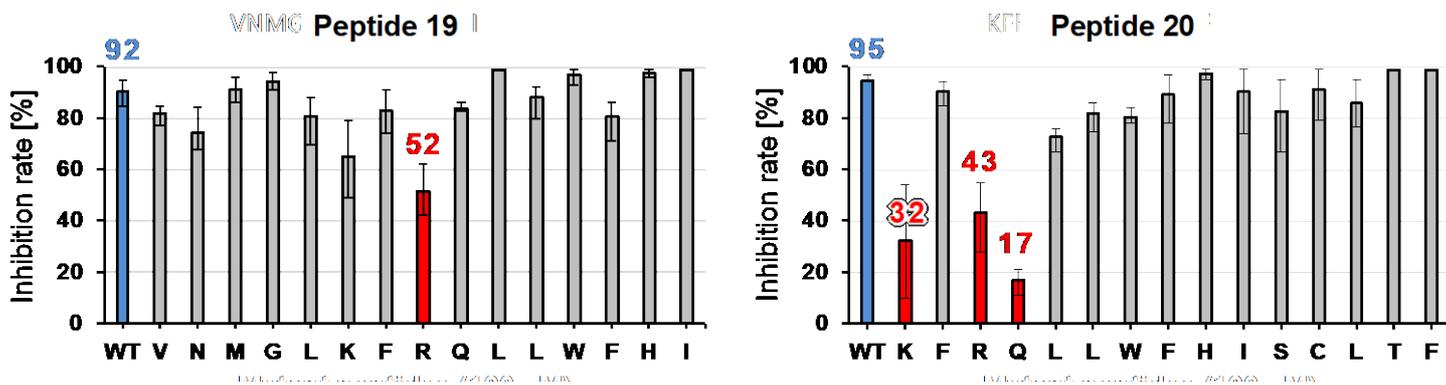


Figure 1. シードペプチド19および20のアラニン変異ペプチドの粒子形成阻害率

【配座制御を指向した環状ペプチドへの展開】ペプチド20の変異解析から、カプシド粒子形成に重要なアミノ酸が連続していることに着目し、環状ペプチドに展開した。具体的には、これらアミノ酸にグリシンを導入した環状ペプチド (*cyclo*[-Lys-Phe-Arg-Gln-Gly-]) を設計し、グリシン以外のアミノ酸の立体化学 (L体およびD体) を考慮して、全16種類の環状ペプチドを合成・評価した (Figure 2)。

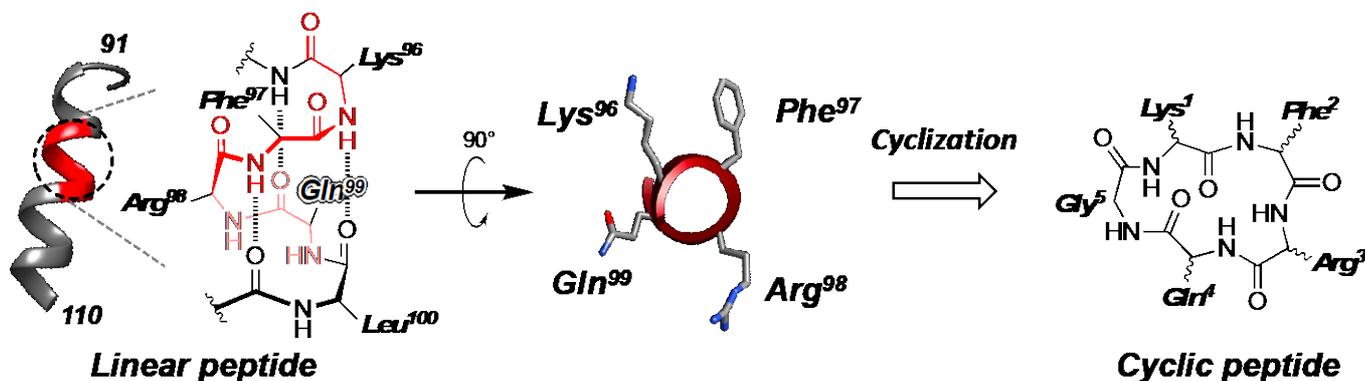


Figure 2. 変異解析に基づく $\alpha$ -ヘリックスペプチドから環状ペプチドへの構造展開

シードペプチド20は10  $\mu$ Mで阻害率が20%程度であったのに対して、環状ペプチド (CP1-CP16) は、阻害活性が大幅に向上することが明らかになった (Figure 3)。なかでもCP-7 (*cyclo*[-Lys-D-Phe-D-Arg-Gln-Gly-]), CP-11 (*cyclo*[-D-Lys-Phe-D-Arg-Gln-Gly-]), CP-15 (*cyclo*[-D-Lys-Phe-D-Arg-D-Gln-Gly-]) の3種の環状ペプチドは、10  $\mu$ Mで90%近い阻害率を示し、元の直鎖ペプチドと比較して阻害活性が約10倍向上することが明らかになった。

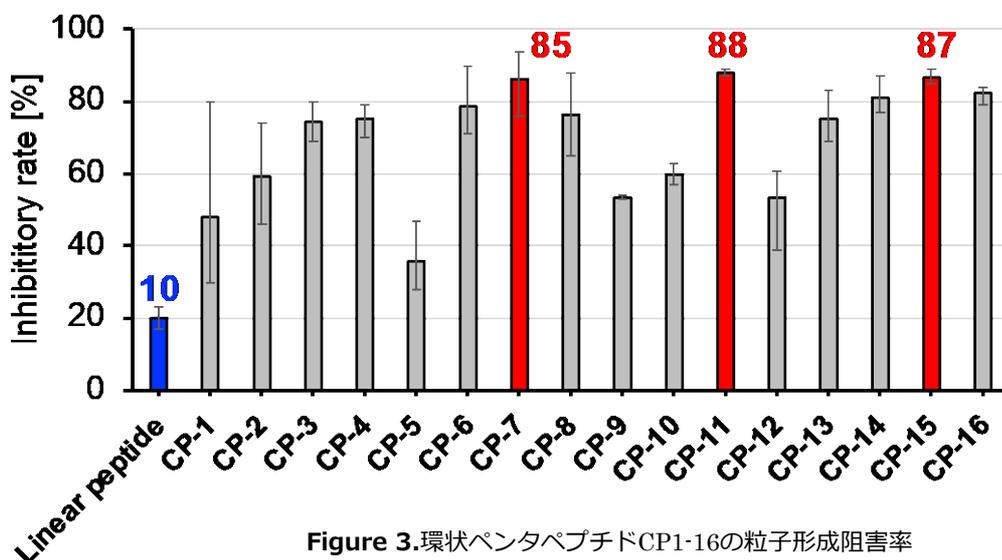


Figure 3.環状ペプチドCP1-16の粒子形成阻害率

## 社会実装、社会的・環境的インパクト

B型肝炎ウイルスの感染は、世界的に深刻な公衆衛生問題であり、慢性化することで肝硬変や肝癌へと進展する感染症である。世界保健機関の報告では、全世界で推定3億5千万人が慢性的にB型肝炎に感染しているとされ、HBV感染から肝硬変や肝癌への進行により年間68万人以上が死亡している。現在のHBV治療法として、インターフェロン療法と核酸アナログ療法が確立されている。しかしながら、これらの治療法には副作用や耐性ウイルスの出現などの課題があることから、新たな作用機序を有する有効で安全な新規抗HBV薬の開発が求められている。これまでに報告されているHBVカプシド集合阻害剤の多くは、コアタンパク質二量体と二量体の相互作用を阻害する四量体形成阻害機構である。これに対し、本研究で見出したペプチドは単量体と単量体の相互作用を阻害する二量体形成阻害機構であることがMD計算から示唆されており、新たな作用機序を有する創薬分子として高いポテンシャルを秘めている。よって、これらペプチドをさらに構造展開し、医薬プロファイルに優れたペプチド医薬品へと進化させることで、HBV治療に新たな選択肢を提供する可能性がある。この研究成果が実用化されれば、HBV感染の合併症リスクを減少させ、世界中の患者に対する医療の質を向上させることが期待できる。

## アウトプット実績

### 招待講演1件

- 神戸学院大学薬学部特別講演会「主鎖改変を基盤とする中分子ペプチド創薬:アルケン型ペプチド結合等価体2.0」2024年1月26日

## 外部資金獲得状況

- 第55回 内藤記念科学奨励金・研究助成(代表:300万円)
- 令和6年度「肝炎等克服実用化研究事業」C型肝炎ウイルス粒子形成の分子機構解析を基盤とした新規治療薬の探索(分担:200万円)

## 研究課題：乳酸菌の菌体外多糖を分解する酵素を利用したオリゴ糖生産の分子基盤

研究代表者：宮崎 剛垂 准教授（生物分子機能研究コア）

研究分担者：舟根 和美 教授（山梨大学大学院総合研究部生命環境学域）

### 研究概要

*Leuconostoc*属などの一部の乳酸菌はグルコースからなる多糖( $\alpha$ -グルカン)を菌体外に産生する。これらは、主に $\alpha$ -1,6結合または $\alpha$ -1,3結合で結ばれた $\alpha$ -グルカン主鎖に他の結合様式( $\alpha$ -1,2や $\alpha$ -1,4結合)で枝分かれ構造をなしている。乳酸菌の菌体外多糖は有用な腸内細菌を増殖させるプレバイオティクス効果が報告されており、また、これらを構成するオリゴ糖自体にもプレバイオティクス効果や免疫賦活化といったさまざまな機能が報告されている。研究代表者は、研究分担者の保有する*Leuconostoc citreum*の菌体外多糖(多分岐デキストラン: $\alpha$ -1,6結合の主鎖に他の結合様式からなる分岐を有する)をオリゴ糖・単糖に分解する酵素群を土壌細菌*Flavobacterium johnsoniae*のゲノム情報から見出し、それら酵素の基質特異性や立体構造の相関を明らかにした(Nakamura et al. *J. Biol. Chem.* 2023)。また、同細菌から微生物が産生する $\alpha$ -1,3-グルカンを分解する酵素を見出した。研究代表者は、これらの酵素を用いて菌体外多糖を分解することによって、さまざまな結合様式を持つオリゴ糖を創出することを着想した。本研究では、その実現に向けて関連酵素の基質特異性の解析やX線結晶構造解析による立体構造の解明を行った。

### 研究成果

先行研究で見出した多分岐デキストラン資化遺伝子群および最近見出した推定 $\alpha$ -1,3-グルカン資化遺伝子群の構造を図1に示す。

本研究では、 $\alpha$ -1,3-グルカンの分解に関わると考えられた2種類の酵素FjGHxxxおよびFjGH97Bの基質特異性と、FjGH97BとそのパラログであるFjGH97Aの立体構造を明らかにすることに成功した。

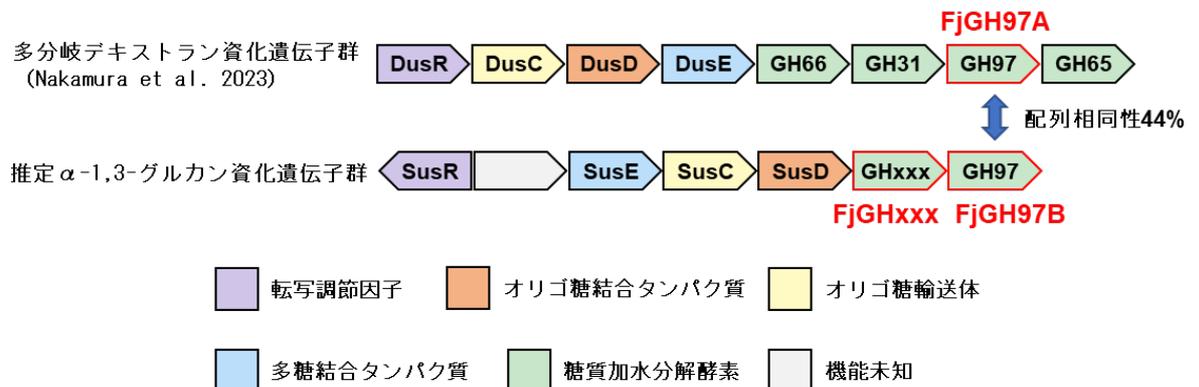


図1. *F. johnsoniae*のゲノムから見出した2種類の $\alpha$ -グルカン資化遺伝子群

### ① $\alpha$ -1,3-グルカン分解酵素の基質特異性解析

大腸菌組換え発現系によって調製し、精製したFjGHxxxとFjGH97Bをさまざまな多糖やオリゴ糖に作用させ、その分解産物を定性・定量的に分析した。FjGHxxxは、*Lactobacillus reuteri* ML1のムタンスクラーゼによって合成したムタン( $\alpha$ -1,3 :  $\alpha$ -1,6 = 65 : 35、可溶性)に最もよく作用し、低分子のオリゴ糖を生成した。*Streptococcus salivarius*のグルカンスクラーゼによって合成した $\alpha$ -1,3-グルカン(ほぼ $\alpha$ -1,3結合のみ、不溶性)にも作用したが、ムタンに対する活性より低いことが分かった。一方で、他の結合様式からなる $\alpha$ -グルカン(澱粉やデキストラン)には加水分解活性を示さなかったことから、 $\alpha$ -1,3結合特異的なエンド型加水分解酵素であることが示唆された。FjGH97Bは、多糖よりオリゴ糖に対して高い活性を示し、 $\alpha$ -1,3 >  $\alpha$ -1,2 >  $\alpha$ -1,4 >>  $\alpha$ -1,6の順に高い加水分解活性を示した。また、 $\alpha$ -1,3結合からなる二糖オリゴ糖の中では二糖より三糖、四糖の方が高い活性を示した。反応生成物は反応初期からグルコースのみであることから、エキソ型の酵素であることが示唆された。

### ② FjGH97AおよびFjGH97Bの立体構造解析

FjGH97Aは、同じファミリー(GH97)に属するFjGH97Bと異なり、 $\alpha$ -1,6結合に最も高い活性を示し、グルコースを生成するエキソ型の酵素である(Nakamura et al. 2023)。その基質特異性の違いを立体構造の観点から明らかにすべく、両酵素のX線結晶構造解析を行った。両酵素の全体構造は、GH97酵素に共通するドメイン構成からよく類似していた(図2)。FjGH97Aは基質との複合体構造解析にも成功しており、論文として国際学術誌に投稿し査読中である(Nakamura et al., under review)。両酵素の活性部位を構成するアミノ酸残基に違いが認められており、今後FjGH97Bについても複合体構造解析を行っていく予定である。

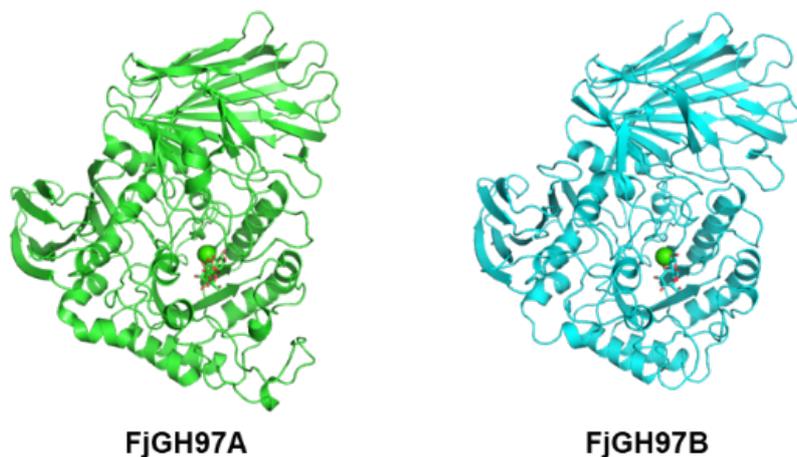


図 2. FjGH97AとFjGH97Bの全体構造

## 研究概要

本研究で対象とする酵素は、いずれも $\alpha$ -グルカンやそれに由来するオリゴ糖の $\alpha$ -1,2、 $\alpha$ -1,3、 $\alpha$ -1,6結合のそれぞれに特異性の高い加水分解酵素である。立体構造解析を行うことにより、多様な結合・枝分かれ構造を持つ乳酸菌の菌体外多糖の中の任意の結合を分解する酵素を適切に選択するための分子基盤を得ることができる。これまで単一の結合をもつオリゴ糖の機能性の報告はあるものの、複数の異なる結合様式を持ったグルコオリゴ糖の機能性の報告はほとんどない。したがって、本研究によって、乳酸菌菌体外多糖の酵素分解によってさまざまな結合様式を持ったオリゴ糖を調製することができれば、オリゴ糖の機能性評価を行うことができ、新しい有用な糖質素材創出に繋がる。

また、 $\alpha$ -1,6結合を有するデキストランや $\alpha$ -1,3結合を有するムタンは虫歯菌である*Streptococcus mutans*が産生し、バイオフィームとしての機能を持つ。これらを分解する酵素は虫歯菌のバイオフィームを分解し、増殖抑制に働く可能性があるため、虫歯予防の応用に繋がる。

## アウトプット実績

### 【論文】

1. 中村駿太郎, 倉田 陸矢, 仁平 高則, 中井 博之, 殿塚 隆史, 舟根 和美, 朴 龍洙, 宮崎 剛亜, デキストラン資化遺伝子群から発見したGH65  $\alpha$ -1,2-グルコシダーゼと関連酵素の構造機能解析, *応用糖質科学*, 13(2), 124-134 (2023) (総説)
2. Nakamura S, Kurata R, Tonozuka T, Funane K, Park EY, Miyazaki T, Bacteroidota polysaccharide utilization system for branched dextran exopolysaccharides from lactic acid bacteria. *Journal of Biological Chemistry* 299(7), 104885 (2023)

### 【招待講演】

1. 宮崎 剛亜, 乳酸菌の菌体外多糖・多分岐デキストランを分解する酵素群の構造と機能, 第20回 糖鎖科学コンソーシアムシンポジウム (2023年12月1日)
2. 宮崎 剛亜, 微生物由来 $\alpha$ -グルカンを分解する酵素の構造と機能に関する研究, 日本応用糖質科学会2023年度(第72回)大会 (2023年9月14日)学会奨励賞受賞講演

## 外部資金獲得状況

本研究課題に直接関係する外部資金の獲得には至っていないが、本研究を通して $\alpha$ -グルカンを生分解性プラスチックに応用する研究を行っている研究グループとの共同研究に発展した。よって、今後連携を深めることにより、新たな外部資金の獲得を目指していく。

## その他、特筆すべき事項

日本応用糖質科学会令和5年度奨励賞を受賞した。

## 研究課題：植物の環境ストレス適応性を向上させる香気配糖体の探索と生合成解明

研究代表者：大西 利幸 教授（植物ストレスマネジメント研究コア）

研究分担者：原 正和 教授（植物ストレスマネジメント研究コア）

轟 泰司 教授（植物ストレスマネジメント研究コア）

崔 宰熏 准教授（植物ストレスマネジメント研究コア）

竹内 純 准教授（植物ストレスマネジメント研究コア）

### 研究概要

グリーン科学技術研究所 コアC（植物ストレスマネジメントコア）では、「温度ストレスを緩和するバイオスティミュラント化合物の開発と応用展開」に一丸となって取り組んでいる。農作物の最大収穫量は、種を播いた時点で決まる。しかし、病害や害虫（生物的ストレス）、高温や低温、乾燥など（非生物的ストレス）により、収量は減少する。従来の農作物生産は①、育種（優秀な作物遺伝子資源の開発）、②肥料（植物栄養の供給）、③農薬（害虫、病気、雑草などの生物学的ストレスの制御）を中心に進められてきた。近年、第4の方策としてバイオスティミュラントの開発が進められている。バイオスティミュラントは、植物に対する非生物的ストレスを制御して植物のダメージを軽減し、健全な農作物生産に資する技術を意味しており、非生物的ストレスに対する耐性を向上させて、農作物の実収量を増加させる。現在、農作物生産の現場における喫緊の課題は、気候変動に伴う著しい高温や、突発的な低温などこれまでに経験したことのない温度ストレス環境でどのように安定的な農産物生産を維持、向上させることである。2023年度において、本研究プロジェクトでは、植物のストレス応答に関与するアブシジン酸制御剤の開発、天然物由来高温障害緩和剤の探索、ストレス耐性化合物の生合成研究を行い、植物の環境ストレス適応性を向上させるバイオスティミュラント化合物の開発および探索を行った。その結果、安定性を向上させ、農業利用に資するアブシジン酸制御剤の開発に成功し、ストレス耐性化合物の生成に寄与する生合成酵素の同定に成功した。

### 研究成果

本研究課題「温度ストレスを緩和するバイオスティミュラント化合物の開発と応用展開」では、静岡大学グリーン科学技術研究所コアCメンバーが密に連携して、環境ストレス耐性を惹起する化合物の開発と評価を行い、バイオスティミュラント化合物の実用化を目的とした。

### ① 環境ストレス耐性を惹起するバイオスティミュラント化合物の創出

バイオスティミュラント化合物の開発において、植物体内における環境ストレス耐性を惹起する作用機序が明確化されていることは化合物創成の利点である。植物ホルモンの一つであるアブシシン酸 (ABA) は、乾燥や高温などの環境ストレス耐性を誘導する。長年、農業利用が期待されてきたが、ABAの光安定性の低さと代謝不活性化の速さが課題となり、未だその利用実績は非常に限定的である。本研究項目では、ABAの光安定性の低さと代謝不活性化の速さを克服して、

農業利用を実現可能とするバイオスティミュラント化合物の開発を行った。本年度は、BP2AおよびMe 1' 4、'-trans-diol-BP2Aをリード化合物として、代謝抵抗性を付与する戦略で構造展開を行った。その結果、BP2Aよりも光に安定で、且つBP2Aよりも強いABA様活性を示した。またABAの代謝不活性化の速さを打破する化合物の創出に取り組んだ。ABAの側鎖を改変したイソシアニド型化合物BPNCsを開発し、本化合物はABAの生物活性を著しく強化できることを確認した (図1)。またABA生合成に寄与するABA2酵素の阻害剤の創出にも取り組み、基質構造を模したビフェニル型化合物INABA28MEがABA2を強く阻害し、キサンチンなどによるシロイヌナズナ種子発芽阻害を大きく緩和させることを明らかにした。本研究で得られた成果は、環境ストレス耐性付与剤としてのABAアナログの農業利用を推進するものと期待される。

### ② 植物高温耐性向上資材の開発研究

天然由来の抽出物を使った高温障害緩和剤のスクリーニングを実施し、シロイヌナズナを用いて熱ショック応答の強度を熱ショックタンパク質プロモーターの活性を指標に評価した。現在開発中の農業資材について品質管理試験を実施している。

### ③ バイオスティミュラント候補化合物の生合成研究

フェアリー化合物 (FCs) はストレス条件下で植物成長調節活性を示す。本研究項目では、FCs生合成酵素を同定することを目的とした。イネにAICAを投与し、経時的なFCs含有量の変化をLC-MS/MSを用いて調べた。さらに、FCs含有量が増加したイネをRNA-seq解析に供した。AICAを処理したイネでは経時的にFCsが増加する傾向が見られた。RNA-seq解析の結果から、AICA処理ではファイトアレキシン生合成などの防御関連遺伝子の発現が上昇していた。この結果から、AICAが植物のストレス耐性を向上させることが示唆された。また、Non-symbiotic hemoglobin (nsHb) が高発現していたことから、異種発現し機能解析を行った結果、nsHbがAHX生合成に関与することが示唆された。

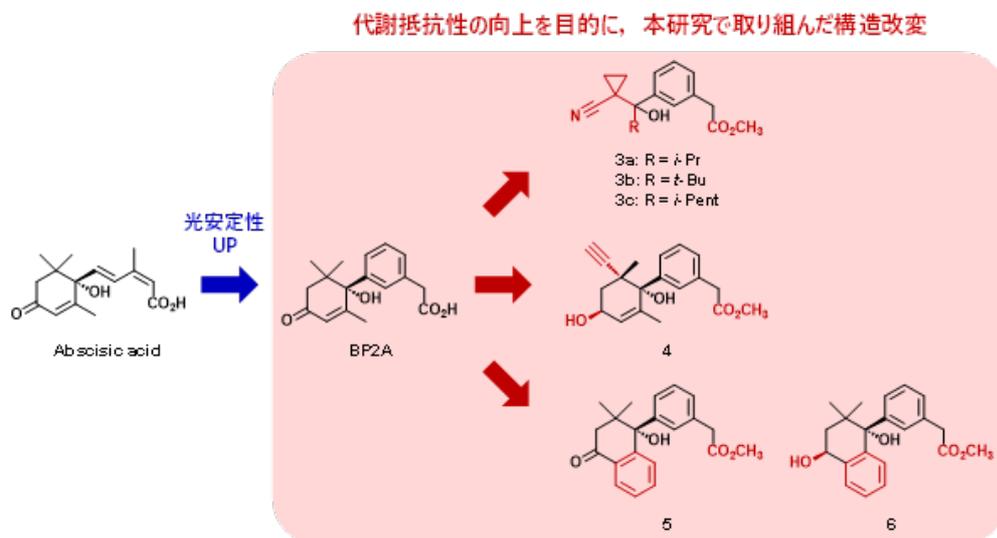


図1. 温度ストレスを緩和するバイオスティミュラント化合物の開発と応用展開

## 社会実装、社会的・環境的インパクト

昨年度においてコアCメンバーが開発した高温耐性活性化剤「サーモザイム」がインドで実用販売することが決定した。さらに、バイオスティミュラント候補化合物125種(その内58は新規化合物)をリスト化し、農薬会社とMTAを結び実用化フェーズに移行させた。今年度においても、設計・化学合成段階および温度ストレス耐性評価段階にあるバイオスティミュラント候補化合物を用いて圃場や温室（トマト、ダイズなど）において実証実験を行った。特に環境ストレス耐性付与剤としてのABAアナログの開発に成功し、今後農業現場(圃場)での実地試験に進展することが可能となった。

## アウトプット実績

### 原著論文

Wui *et al.*, *J Agric Food Chem.* 2023 Sep 13;71(36):13338-13345.

Takeuchi *et al.*, *Org Biomol Chem.* 2023 Dec 13;21(48):9616-9622.

Wang *et al.*, *J Fungi* (Basel). 2023 Sep 20;9(9):951.

### 招待講演

Ohnishi., Taiwan-Japan Plant Biology 2023 (TJPB2023)

## 外部資金獲得状況

### 2023年度に獲得した外部資金

科研費 基盤研究B	2件 (大西、崔)
科研費 挑戦的研究 (萌芽)	1件 (竹内)
科研費 学術変革領域研究(A)	1件 (崔)

## その他、特筆すべき事項

### プレスリリース

光に安定で且つ植物体内で不活性化されにくいアブシシン酸アゴニストの開発

<https://www.shizuoka.ac.jp/news/detail.html?CN=9666>

日刊工業新聞 (2023/12/22)

## 研究課題：植物フェノタイピングのためのXAIの深化

研究代表者：峰野 博史 教授（フィールドインフォマティクス研究コア）

研究分担者：野村 祐一郎 助教（静岡大学 情報学部）

中川路 哲男 センター長（農研機構・農業情報研究）

大石 直記 主任研究員（静岡県農林技研）

### 研究概要

本研究では、昨年度進めた植物フェノタイピングのためのXAI(eXplainable Artificial Intelligence: 説明可能なAI)の研究を深めた。植物において、遺伝子型と環境との相互作用により成長過程で目に見える形で現れる表現型(フェノタイプ)を把握し定量化する植物フェノタイピングの研究が盛んであるが、機械学習モデルがどのように一定の結論に達したかを、技術的な知識のない人やデータサイエンスの基礎知識を持たない人が理解できることが重要である。本研究では、特に植物フェノタイピングに焦点を絞り、どの因子を重視して判断しているか・判断すべきか、どの事象が重要なのか、どのような判断傾向があってバイアスはないのか・あるとしたら除去可能にするにはどうしたらよいか、どのような条件で推定値を信頼できるかといった観点から、機械学習によって構築されたAIが、訓練データから何を学んだか利用者にとっても理解可能とするXAIの研究を深めた。

### 研究成果

栽培データは、季節や時間の変動に大きく影響を受けやすいことから分布に大きな不均衡性を持っており、この不均衡性の解消による推定精度の向上を目的としたリサンプリング手法として CREAMER (Clustering-based R-EsAmpling MEthod for Regression) を研究開発してきた。いくつかの課題を改良するとともに、1D-CAE を用いることで時系列性を担保したりサンプリング手法に改良した。機械学習モデルがどのように一定の結論に達したかを、技術的な知識のない人やデータサイエンスの基礎知識を持たない人が理解できることが重要である。そのため、図1に、UMAP を使用し、中間層の18次元を2次元に次元削減し解釈性を高めて分析を行った。例えば、(g)では(b)より目的変数の希少度が高いデータ(赤実線部分)に集中する一方、目的変数の希少度の高くないデータ(赤点線部分)にも注目しており、目的変数のみならず説明変数を考慮した希少度算出の効果が表れていると考える。データセットの不均衡性の有無、学習器との相性、CREAMER 内部のリサンプリング手法の選択などで若干の得手不得手があるものの、RAWデータに対して推定精度が向上することを確認した[1]。

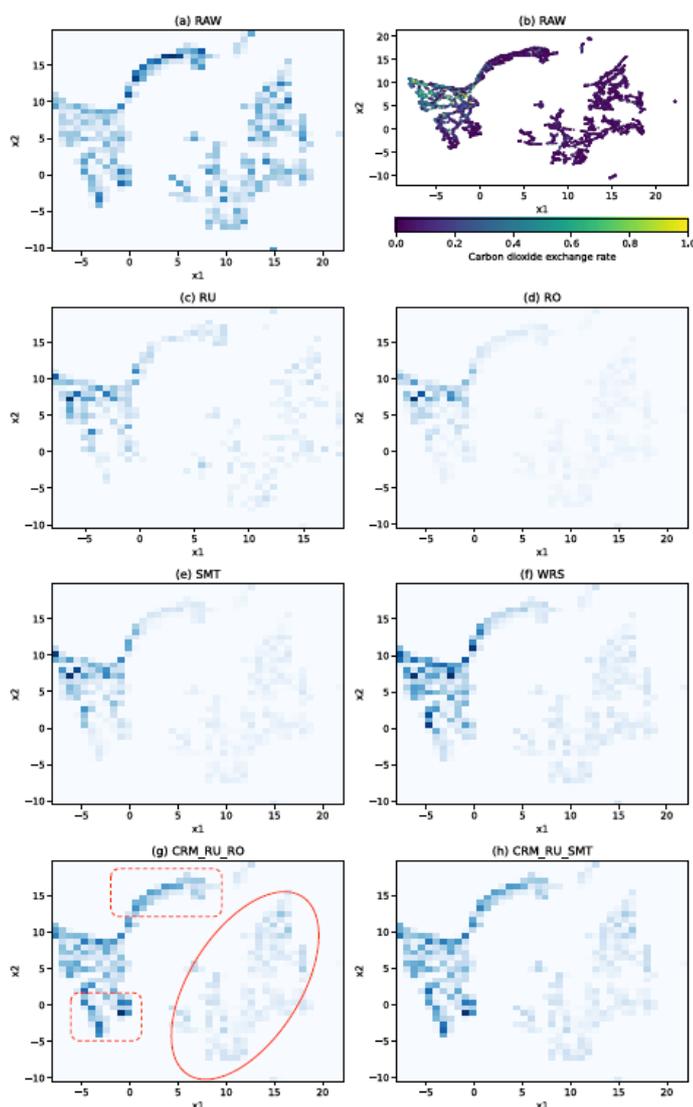


図1 各リサンプリング適用後の説明変数の分布(光合成速度)

また、研究開発している拡散モデルを用いたドメイン適応型データ拡張技術について、他ドメインの画像データセットのみから少量のアノテーションデータのみで、対象ドメインに対する多数の高品質な合成画像を生成できることの定量分析を進めた。知覚的類似性評価指標として近年研究開発されたDreamSimを用いて定量的に有効と品質評価された生成画像が、実画像と同様の特徴分布を示しているか確認するため、PCA やt-SNE、UMAP を用いた次元削減による可視化を行った。その結果、異なる特徴分布を示す昼間の実画像と夜間の実画像に対し、昼間の生成画像と夜間の生成画像はそれぞれ実画像と類似した特徴分布を示すことを視覚的にも確認でき、本手法を用いたデータ拡張によるドメイン適応の可能性を示唆された[3]。このように次元削減して可視化することで、機械学習モデルが訓練データから何を学んだか利用者にとっても理解可能とするXAIの研究を深めた。

## 社会実装、社会的・環境的インパクト

本研究では、不均衡なデータや時系列データに対する高精度な推定・予測を実現するための機械学習手法に焦点を当てており、不均衡性と時系列性を有する栽培データにおいて、植物の生理状態を効果的に推定する手法を提案し、性能評価結果をまとめ発表した。機械学習モデルがどのように一定の結論に達したかを、技術的な知識のない人やデータサイエンスの基礎知識を持たない人が理解できることが重要であり、特に植物フェノタイピングに焦点を絞り、どのような条件で推定値を信頼できるかといった観点から、機械学習によって構築されたAIが、訓練データから何を学んだか利用者にとっても理解可能とするXAIの研究を深めた。

研究成果を投稿した国際会議[1]は、697件の投稿論文があり、現地発表の採択率が28.41%であった。基礎研究から実用化レベルの応用研究まで、修士課程の学生からPhDまで、幅広い分野と研究者による発表は、本研究室の研究とも関連のあるものが多く、実りある国際会議であった。

投稿準備中の国際ジャーナル論文(CS: 13.6, IF: 8.3, Q1)[3]の成果は、植物の成長に伴い状態の変化するデータ収集やアノテーション作業の困難な機械学習タスク全般に効果的な画期的なデータ拡張手法になりうると考える。

## アウトプット実績

[1] K. Sato, N. Oishi, N. Futamata, H. Mineno, “Estimating Plant Physiological State by Learning Methods Considering Imbalance and Time-series,” 22’nd International Conference on Machine Learning and Applications (ICMLA), Dec.2023.

[2] 原田海斗, 寺本京祐, 野村裕一郎, 峰野博史, “NexmonによるCSIベースのスマートデバイス状態推定,” DEIM Forum 2024, T2-B-7-02, Mar, 2024.

[3] K. Hirahara, C. Nakane, H. Ebisawa, T. Kuroda, Y. Iwaki, T. Utsumi, Y. Nomura, M. Koike, H. Mineno, “D4: Text-guided diffusion model-based domain adaptive data augmentation for vineyard Shoot detection,” Computers and Electronics in Agriculture (to be submitted).

## 外部資金獲得状況

受託研究「令和5年度イチゴ栽培の多収化を目指した栽培管理支援AIの開発に係る業務業務委託」(静岡県農林技術研究所)。

## 研究課題：エネルギー・環境問題の解決に向けた超分子・分子集合体の新物質開発

研究代表者：小林 健二 教授（超分子・分子集合体研究コア）

研究分担者：近藤 満 教授（超分子・分子集合体研究コア）

加藤 知香 教授（超分子・分子集合体研究コア）

守谷 誠 准教授（超分子・分子集合体研究コア）

### 研究概要

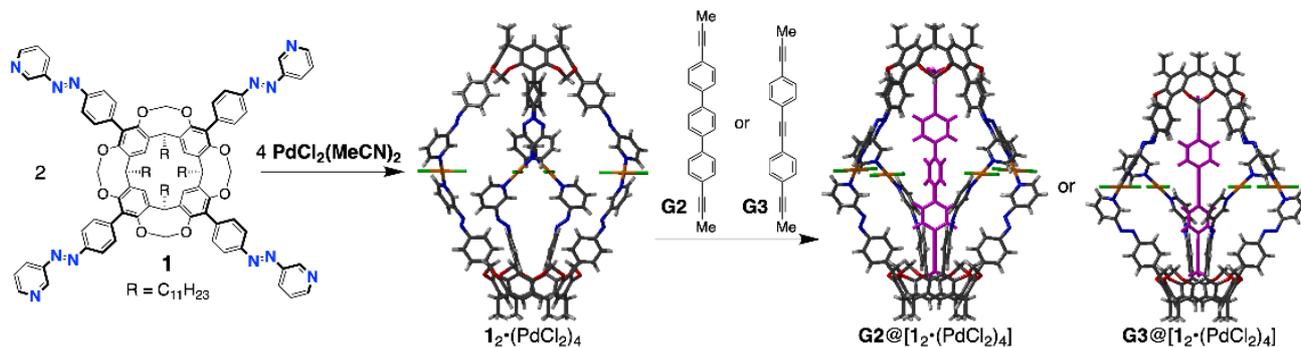
超分子・分子集合体コアでは、分子自己組織化と分子配列制御を基盤に、超分子・分子集合体に立脚した「超分子カプセル・多孔性配位高分子・水素製造用光触媒・全固体電池」などの研究を行い、環境問題やエネルギー問題の解決を指向したボトムアップ型ナノサイエンス & テクノロジーのグリーン基盤科学技術を化学の立場から開拓することを目的とした。

本申請課題では、「環境問題・エネルギー問題の解決に向けた超分子・分子集合体の新物質開発」を念頭に、4名の研究コア員によって、以下に示す各自の研究課題を遂行しつつ、互いに連携し、化学の立場からグリーン基盤科学技術を開拓することを目的に研究を行った。

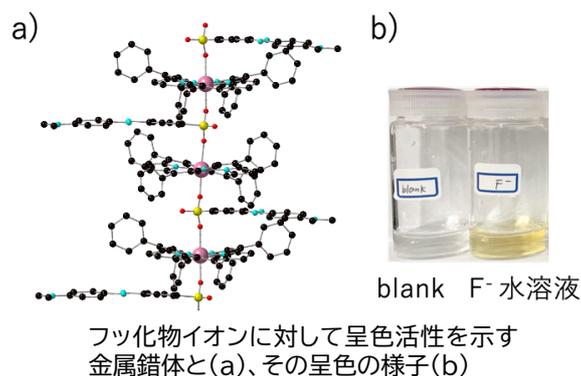
1. 分子集合性ナノ空間の創出と機能化(小林担当)
2. カプセル分子を利用した有害陰イオン検出・除去の新技术(近藤担当)
3. 貴金属ナノ構造の精密制御による水素製造用光触媒の開発(加藤担当)
4. 有機イオン種を構成要素とする固体電解質の開発(守谷担当)

### 研究成果

小林グループでは、お椀型大環状分子の配位結合に基づく光応答性分子集合カプセルの構築に成功し、サイズ選択的なゲスト分子包接に成功した。また、紫外光照射によるカプセルの不安定化とゲスト放出、および、可視光照射によるカプセルの再安定化とゲスト再包接に成功した。

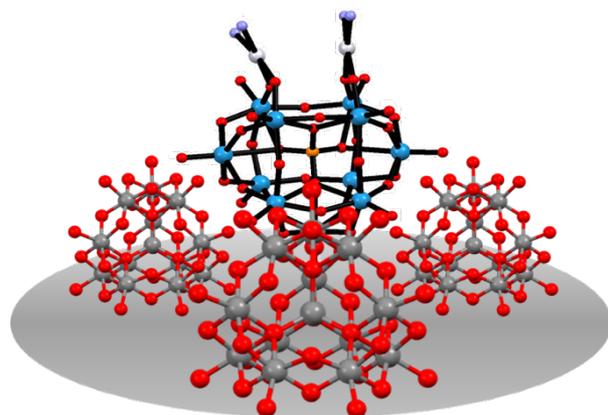


近藤グループでは、陰イオン性色素を対イオンにもつ金属錯体の系統的な合成を進め、新しい水溶液中の陰イオン検出技術の開発を進めた。これまでの過塩素酸イオン、炭酸水素イオン、硝酸イオンに加えて、新たにフッ化物イオンや酢酸イオン、およびリン酸イオンを含む水溶液に対して選択的な呈色を示す化合物を開発することに成功した。右図にはフッ化物イオンに対して呈色活性を示す錯体とその呈色の様子を示す。



加藤グループでは、アルミニウムポリオキソカチオンをバインダーとした二核白金種配位ポリオキソアニオンの酸化チタン表面への静電的担持法を開発した。得られた固体は光照射下での水からの水素生成に対して優れた光触媒活性を示すことや、触媒反応後の水溶液からの簡便回収・再利用が可能であることを明らかにした。

守谷グループ：結晶性を有する有機イオン種は、「規則的な分子配列」と「分子の動的挙動」という固体電解質に適した特徴を有する。本研究では全固体電池への展開を目的とし、難燃性と成型性を併せ持つ有機イオン種を用い、種々のLi塩との複合化による新規固体電解質材料の開発を検討した。四級アンモニウムカチオンあるいは四級ホスホニウムイオンと環状スルホニルアミドアニオンからなる新規有機イオン種を合成した。また得られた有機イオン種の単結晶を作製し、結晶構造解析を行うことで、生成物の詳細な構造を明らかにすることに成功した。また、ここにリチウム塩を添加することにより、リチウムイオン伝導性を示す新規固体電解質を得た。得られた固体電解質の示差走査熱量測定、交流インピーダンス測定を行うことにより、その相転移挙動と固体状態におけるイオン伝導性を評価した。



固体表面のイメージ図

## 社会実装、社会的・環境的インパクト

小林グループでは、環境にやさしい光によって、カプセルの分子包接と放出を望みのタイミングで制御できる点に特徴を持つ。

近藤グループでは、現在はその検出に高額な装置と煩雑な操作が必要な、過塩素酸イオン、炭酸水素イオン、フッ化物イオンなどの簡便な検出操作方法を見出し、企業との特許申請を進めている。

加藤グループでは、精密構造化白金ポリオキソタングステートを用いた固体触媒の開発を進めており、外部機関との共同研究も開始しているが、秘密保持契約のため詳細な説明は控える。

守谷グループでは、有機イオン結晶を用いて得た固体電解質材料に関して、民間企業との共同研究を開始している。なお先方企業と秘密保持契約を締結済みのため、詳細については説明を省略する。

## アウトプット実績

近藤G:特許 1件(企業と共同で申請予定)

加藤G:特許 2件(国内出願 1件, 国際出願 1件)

守谷G:企業との共同研究

## 外部資金獲得状況

加藤G:JST A-STEP産学共同(育成型)

守谷G:企業との共同研究

## 研究課題：有機バイオ化学が拓く微生物制御機構解明に向けた基盤技術の構築

研究代表者：二又 裕之 教授（新エネルギー研究コア）

研究分担者：鳴海 哲夫 准教授（グリーン分子創造技術研究コア）

### 研究概要

有機性廃棄物からの水素・メタン生成には環境中の様々な微生物が直接的に関与している。また、ヒトの健康にも腸内細菌叢が深く関与することが解明されるなど、多種多様な微生物によって形成される複合微生物系の機能の重要性が認識されるに伴い、複合微生物系の好適制御が重要なテーマとして世界的に認識されるようになってきた。しかし、現場で好適な複合微生物系を如何にして形成させるのかに関しては、世界的に見ても全く不明な状態である。一方で、複合微生物系の形成には、構成因子である微生物間の相互作用が極めて重要であることが指摘されている。

一般的に微生物由来の相互作用物質は二次代謝産物であるために、再現性よく対象物質を生産させることや、その取得精製や関連遺伝子の特定は困難であり、具体的な化合物や作用機序の解明は未だ非常に困難な状況にある。

そこで本研究では、生理学的解析とゲノム情報解析から相互作用物質をコードする遺伝子を見出した。本遺伝子は鉄キレート能を有するHisticorugatinをコードしていることは既報より分かってはいるものの、作用機序については全く不明である。

作用機序解明のためにはHisticorugatinの安定供給が必須である。そこで当該物質の化学構造から、骨格構造を担うペプチド鎖を有機化学的に合成し、有機化学的に困難と推定されるアスパラギン酸およびヒスチジンのヒドロキシ化については微生物による反応、あるいは更なる有機合成反応を検討し、当該物質の作用機序ならびに複合微生物系の制御機構の解明に向けた基盤技術の構築を目的とした。

### 研究成果

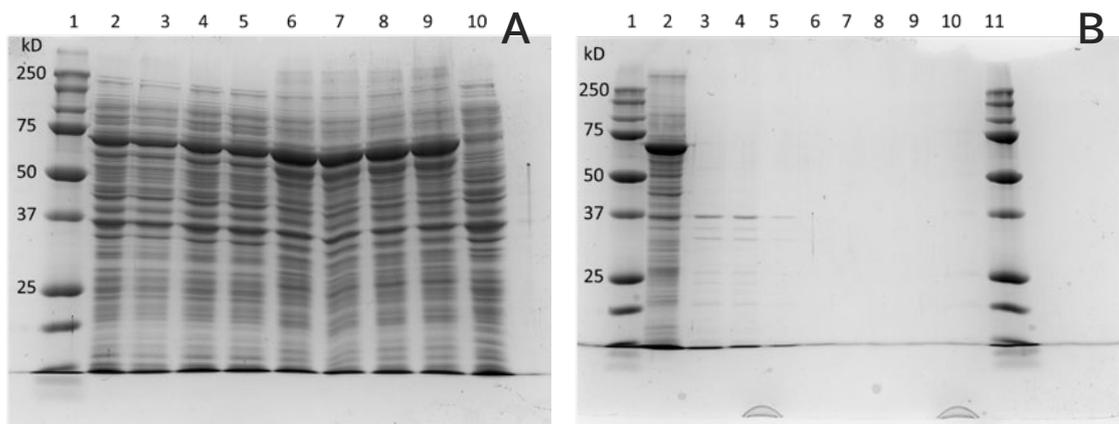
#### 【微生物由来の酵素発現系の構築】

LAB-08株のゲノム上からHisticorugatinのアスパラギン酸およびヒスチジン側鎖の $\beta$ -ヒドロキシ化を担う遺伝子をクローニングし大腸菌による発現を試みた。タンパク質発現用ベクターpETBKにhcsCおよびhcsEをそれぞれクローニングし大腸菌BL21(DE3)に形質転換を行った。発現誘導のためにIPTGを添加した培養を行い、回収した菌株に対しSDS-PAGEを行った。目的タンパク質に付与したHisタグを標的としたウェスタンブロットティングにより、目的のタンパク質の発現が確認された。しかし、SDS-PAGEでは高発現が見られず、IPTG濃度や培養温度の条件検討を行ったものの改善は見られなかった。そこで、新たにpET-41aベクターにクローニングし大腸菌BL21(DE3)による発現を行った。SDS-PAGEによるGST

タグを付与した目的のタンパク質(68.4 kD)の発現を確認したところ、37°Cの培養条件で高発現が確認された(Fig. 1A)。しかし、GSTタグをターゲットとしたタンパク質の精製を試みたところ、目的タンパク質が不溶性分画に現れ(Fig. 1B)、精製することができなかった。そこで、現在は目的タンパク質の可溶化を検討している。

### 【微生物由来の酵素発現系の構築】

LAB-08株のゲノム上からHisticorrugatinのアスパラギン酸およびヒスチジン側鎖の $\beta$ -ヒドロキシ化を担う遺伝子をクローニングし大腸菌による発現を試みた。タンパク質発現用ベクターpETBKにhcsCおよびhcsEをそれぞれクローニングし大腸菌BL21(DE3)に形質転換を行った。発現誘導のためにIPTGを添加した培養を行い、回収した菌株に対しSDS-PAGEを行った。目的タンパク質に付与したHisタグを標的としたウェスタンブロットティングにより、目的のタンパク質の発現が確認された。しかし、SDS-PAGEでは高発現が見られず、IPTG濃度や培養温度の条件検討を行ったものの改善は見られなかった。そこで、新たにpET-41aベクターにクローニングし大腸菌BL21(DE3)による発現を行った。SDS-PAGEによるGSTタグを付与した目的のタンパク質(68.4 kD)の発現を確認したところ、37°Cの培養条件で高発現が確認された(Fig. 1A)。しかし、GSTタグをターゲットとしたタンパク質の精製を試みたところ、目的タンパク質が不溶性分画に現れ(Fig. 1B)、精製することができなかった。そこで、現在は目的タンパク質の可溶化を検討している。



**Fig. 1: SDS-PAGEによるタンパク質発現確認**

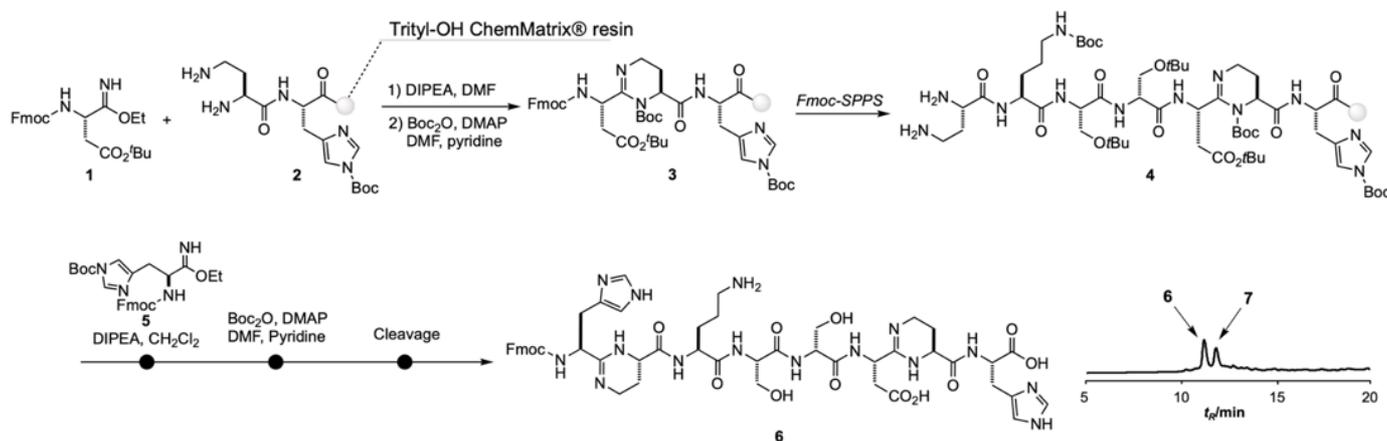
(A)タンパク質発現高発現条件検討。1:マーカー、2-5: 15°C、6-9: 37°C条件下、左からIPTG濃度0.1, 0.2, 0.5および1.0 mM。

10はIPTG無添加。(B)GSTタグをターゲットしたカラム精製の結果。1:マーカー、2:不溶性分画、3-5:精製過程サンプル、6-10:可溶性分画溶出液、11:マーカー

### 【Histicorrugatin前駆体ペプチドの合成研究】

Histicorrugatinの基本骨格であるペプチド鎖の伸長や環状アミジン骨格の構築を化学合成によって行い、アミノ酸の側鎖 $\beta$ 位へのヒドロキシ基の導入を $\beta$ ヒドロキシラーゼによって行う化学-酵素ハイブリッド合成法を用いることとした。2023年度では、モデルペプチドを用いて、Histicorrugatinの主鎖に含まれる環状アミジン骨格の固相上での効率的構築法を検討した。検討の結果、1)脱離基は1級アミド(CONH<sub>2</sub>)が適していること、2)環化効率は溶媒に大きく影響されること、3)アミノ酸残基によって最適溶媒が異なることが明らかになった。また、得られた知見1)~3)をもとに、Histicorrugatinの全合成に向けて、前駆体ペプチドの合成を検討した。Trityl-OH ChemMatrix® resinから調製したペプチド鎖[2]に対し、アスパラギン酸から誘導したイミデート[1]とDIPEAをジメチルホルムアミド(DMF)溶媒下作用させ、環状アミジン骨格を構築し、窒素原子をBoc保護することでペプチド鎖[3]を構築した。続いて、ヒスチコルガチン

に対応するアミノ酸配列 (Dab-Orn-Ser-D-Ser) を順次縮合した後、ヒスチジンから誘導したイミデート [5] と DIPEA をジクロロメタン溶媒下作用させることで、環状アミジン骨格を二つ有するオクタペプチド [6] を合成した (Scheme 1)。また、分子量が目的生成物 [6] より 28 大きいペプチド性副生成物 [7] が同程度生成した。現在、N末端の C8 アシル化ならびに副生成物 [7] の構造解析に取り組んでいる。



Scheme 1. Histicorrugatin前駆体ペプチド[6]の合成

## 社会実装、社会的・環境的インパクト

微生物由来の二次代謝産物は様々な生理活性を有するため着目され続けており、新規創薬の原料としても有益である。一方で、研究段階では安定した当該物質を得ることが容易ではなく、分子構造の決定および作用機序の解明に至るのはごく稀である。

本研究は、上記の課題を克服し有用な微生物由来の二次代謝産物を社会実装化する為の1つの手法として、有機化学的手法と生物学的手法を組み合わせることで、これまで困難とされてきた二次代謝産物の安定供給を図る技術構築への挑戦である。

現時点では、未だ技術構築には至っていないものの、1) 酵素遺伝子をクローニングし大量発現には成功したが可溶化が課題として見えてきた。この課題は一般的な課題であるため、解決策は複数あり可溶化できる可能性は高い、2) 有機化学反応では困難と予想していた反応を試してみたところ、意外と合成できる部分も見えてきた。以上のことから、本研究が微生物由来有用二次代謝産物の安定供給技術の先駆けとなると予想される。

## 研究課題：レーザーフィラメント延伸による多光子電離水素製造の高効率化

研究代表者：松井 信 准教授（新エネルギー研究コア）

研究分担者：水嶋 祐基 助教（静岡大学 工学領域）

桑原 彬助教（名古屋大学 大学院工学研究科）

### 研究概要

フェムト秒レーザーによる水分子の多光子電離をトリガーとした海水からの水素製造法(MPI-WS)における、水素生成量向上を行う。2021年度には特許出願と2報の論文掲載、2022年度にはJST起業活動支援プログラム採択を達成し、本プログラム助成を足掛かりとして着実に成果を積み上げてきた。

一方、MPI-WSの技術レベルを実用段階まで引き上げるには、生成量のスケールアップが必要である。先行する電気分解並の水素製造量(1~10<sup>4</sup> NL/h以上)を実現するには、MPI-WSの現象解明、水素製造方法の改善が引き続き求められる。

本研究では、MPI-WSにおける多光子電離領域の長大化を試みる。これまでの研究より、レーザー集光部に生じるプラズマチャンネル(フィラメント)の長さが水素生成量と対応すること、フィラメントの生成確率がレーザーパワーの階乗に比例すること、が分かっている。そこで、レーザー出力を現行の40倍に増やし、2年間で蓄積したレーザーの集光技術をフル活用して、水素生成量の非線形的増加を狙う。

### 研究成果

本年度は、成果目標「フェムト秒レーザーの非線形性を深く理解し活用することで、現行の10倍の水素製造量を実現する」に対し、フェムト秒レーザー特有のフィラメンテーションによる反応場の延伸を試みた。具体的には、1)高機能ゲルによる非線形性を伴う光反応場の理解、2)水中フィラメンテーションの2テーマに取り組んだ(下記「その他」で補足説明)。

#### 1)高機能ゲルによる非線形性を伴う光反応場の理解

パルスレーザーの連続照射による水中フィラメンテーションは、連続的に発生する気泡により可視化が困難であるため、均一性を有するゲル(Macromolecules, 41(14), 5379-5384, 2008)を用いて、フェムト秒レーザーの非線形性の解析を試みた。ゲル内の加工痕・気泡の解析(図1(a))から、自己収束現象を定量的に評価し、ゲルの2次の非線形屈折率 $n_2$ が水( $4.1 \times 10^{-20} \text{ m}^2/\text{W}$ )と同程度であることを明らかにした(図1(b))。また、使用したフェムト秒レーザーのプロファイルは裾野部にスパイク状のピークを持つ非ガウス形であったため、ガウス形を仮定した理論値よりも低エネルギーで自己収束現象が発現することが分かった。これは、レーザー光が焦点が理論値よりも集光レンズ側にずれることを意味する。

## 2) 水中フィラメンテーション

パルスエネルギー0.5 mJにて、水中フィラメンテーションの生成及び可視化より、 $f = 75$  mmの集光レンズでは約30 mmのフィラメンテーションを生成できることが分かった。チャンネル状のフィラメンテーションは、軸方向に離散的な発光を伴い、各発光点から気泡が発生する様子が確認された。フィラメンテーションの終端付近では、スーパーコンティニウム光が観測されており、水中をフェムト秒レーザーが伝播することでパルス幅の広がりの可能性を示唆する。また、 $f = 100$  mm以上の集光レンズでは、75 mmの場合と同程度の長さのフィラメンテーションが生成されるものの、絶縁破壊の発生領域は狭く、発生する気泡量も少なくなることが確認された。

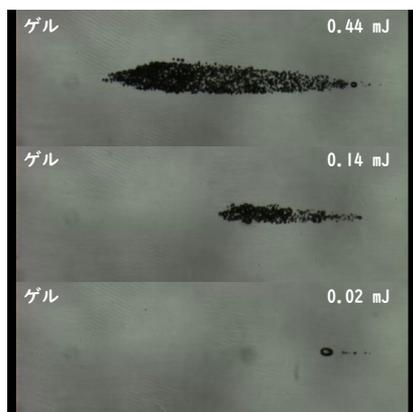


図1(a) パルスエネルギーによる気泡発生範囲の変化

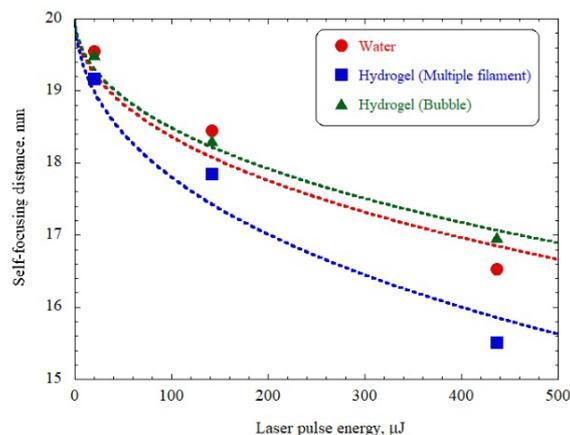


図1(b) パルスエネルギーによる焦点位置の変化と理論値の比較

## 社会実装、社会的・環境的インパクト

レーザー駆動の化学プロセスでは、実験室規模の現象を商用規模までスケールアップすることを目指した新規性・独自性の高いテーマである。

社会実装のために解決すべき最大の課題は、レーザー光源のエネルギー変換効率である。現在使用しているフェムト秒レーザーは変換効率が1%未満であり、再生可能エネルギーを活用したグリーン水素とは言い難い。そのため将来的には、半導体レーザー(フォトニック結晶レーザー)の利用を構想しており、水分解と同オーダーの効率を達成できる見込みである。

フィラメンテーションは空気中で1 kmに及ぶと報告されているが、水中でのこの規模のフィラメンテーションの報告例は未だない。また、そこで起こる化学反応や発生気泡に関する知見もほとんどない。本研究を皮切りに、社会実装と学術面の両輪で研究を継続したい。特に、2023年度より複数の民間企業からお声掛けあり、本テーマの結果に応じて、具体的な共同研究等への進展が見込まれている。

## アウトプット実績

伊藤央樹、米倉健志、桑原彬、水嶋祐基、松井 信、フェムト秒レーザーを用いた水中でのレーザーフィラメントのプロファイルの調査、レーザー学会学術講演会第44回年次大会、2024年1月、東京

Oki Ito, Kenji Yonekura, Akira Kuwahara, Yuki Mizushima, Hiroyuki Kamata, and Makoto Matsui, Characteristics of laser filaments by femtosecond laser direct writing of hydrogel, ISFAR-SU 2024, March 6th, 2024, Shizuoka.

## 外部資金獲得状況

- 2023年度CRF研究助成に採択
- ジェリクル株式会社(東京大学発ベンチャー)との共同研究に進展

## 研究課題：ゲノミクス × フィールドセンシングによる育種 DX

研究代表者：富田 因則 教授（植物ゲノミクス研究コア）

研究分担者：本田 大士 代表（技術士事務所本田バイオ技術研究所）

梅田 大樹 准教授（日本大学生物資源科学部生物環境工学科）

### 研究概要

地球規模の気候変動と人口増加、貿易自由化の波は、食糧安全保障を崩壊させるリスクがある。従って、気象条件に適した穀物の育種 DX はその解決のための挑戦的な課題と位置付けられる。本研究では、気象危機対策に開発したコシヒカリの同質遺伝子系統で晩生の *Hd16* 遺伝子型と短稈・晩生の *d60Hd16* 遺伝子型のフィールド試験を日本各地で実施し、遺伝子型と形質、積算温度との関係性を、相関性ネットワーク解析(図 1)、主成分解析(図 2)、多重比較解析等を用いて解析し、各遺伝子型の特性と地域適合性との関係を検討した。続いて、耐倒伏性のキーとなる *d60* について遺伝子発現解析を行って機能を同定するとともに、多収性のキーとなる *Hd16* を用いてさらなる多収遺伝子型を開発した。本研究は気象条件の異なる地域ごとに適した遺伝子型を選定してスマート農業を進めるうえでの基盤情報を提供する。

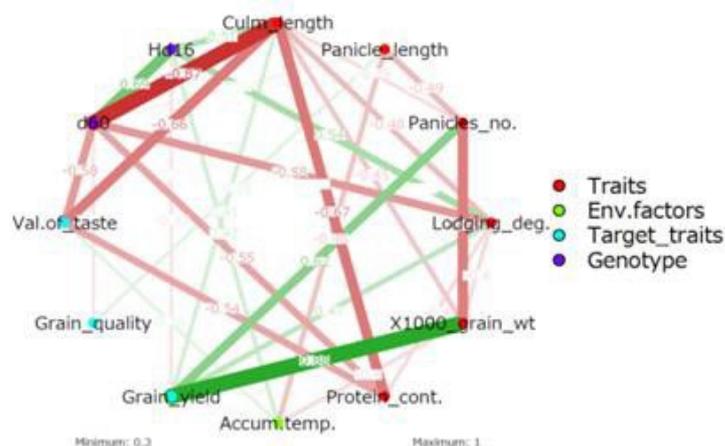


図 1. 形質・遺伝子型間の偏相関係数を基にしたネットワーク

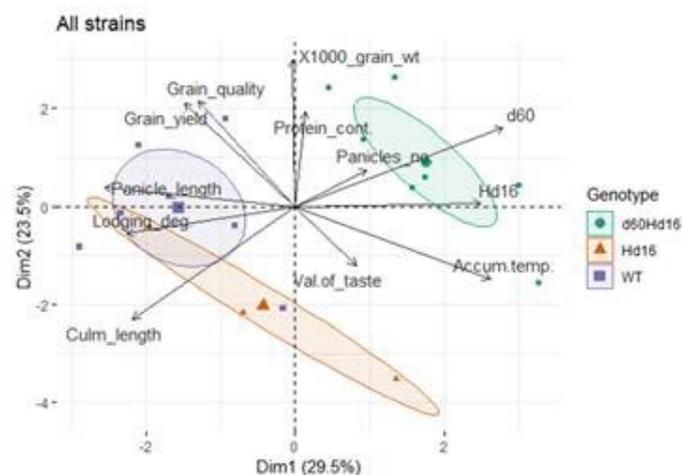


図 2. 3 遺伝子型のフィールドデータの主成分分析

【フィールドデータ解析による *d60*、*Hd16* の環境適合性】気候変動に強いイネの育種とその栽培環境の最適化は、世界的な食糧問題の解決のための先進的課題である。本研究では、コシヒカリの気象変動適合へ向けて開発された同質遺伝子系統で晩生の「コシヒカリ Hd16」と短稈・晩生の「コシヒカリ *d60Hd16*」のフィールド試験を 9 県で継続実施し、遺伝子型と形質、積算温度との相関性ネットワーク解析によって、各遺伝子型の特性を検証しつつ、最適な栽培地を推察した。その結果、品質は穂長や千粒重と正の相関があり、積算温度と負の相関があった。偏相関係数の解析でも、品質と穂長との間に正の相

関が認められた(図 1)。これは、穂長が長く千粒重が重くなると、品質が良好になることを示唆している。精玄米重は相関解析において千粒重と強い正の相関があり、偏相関解析では倒伏や稈長との正の相関も見出された。精玄米重が重くなるほど、倒伏しやすいことは理解しやすい。食味においては、偏相関解析では稈長と負の相関が認められた。次に遺伝子型と形質との関係性を調べると、*d60* 遺伝子型は相関解析、偏相関解析において稈長、倒伏との負の相関を示した。一方、晩生遺伝子 *Hd16* の獲得によって、稈長が長くなり食味が改善される傾向があるが、ばらつきが大きく、穂数や千粒重、精玄米重は少なくなる傾向があった。さらに、この「コシヒカリ Hd16」が *d60* を獲得することによって、ばらつきが収まり、品質や千粒重、精玄米重が野生型コシヒカリと同等に回復していることが分かった(図 2)。

【遺伝子発現解析による *d60* の機能同定】*d60* はファインマッピングによって第 2 染色体の短腕末端から 10.3 Mb 付近に位置付けられたが、全ゲノム解析の結果、その領域のゲノム DNA に変異はなかった。そこで、この領域に存在する成長に関与すると推察される 3 つの候補遺伝子について、RT-qPCR 解析によって発現レベルで差異がないかどうかを調査した。その結果、「コシヒカリ *d60*」、「コシヒカリ *d60*Hd16」では、候補遺伝子のうち、ジベレリンの前駆体を合成する ent-copalyl diphosphate synthase 様遺伝子だけがコシヒカリより転写が低下しており、*d60* はこの発現の低下によって短稈化させるアレルと考えられる。ゲノム編集で検証するためのベクターを構築した。

【高温障害の回避と安定多収生産が可能な晩生・大粒「コシヒカリ Hd16GW2」の開発】*Hd16* と *GW2* を組み合わせて、晩生・大粒コシヒカリの開発を試みた(図 3)。全ゲノム解析の結果、「コシヒカリ Hd16GW2」(BC<sub>6</sub>)は、*GW2*(全長 6,428 bp)周辺に 1,047,975 bp の DNA断片と *Hd16*(全長 7,397 bp)周辺に 2,978,466 bp の DNA断片が残る以外、ゲノム全域でコシヒカリに置換されていた(図 4)。「コシヒカリ *GW2*」ではコシヒカリより総粒数が 23%減少するが、それに *Hd16* を組み合わせた「コシヒカリ Hd16*GW2*」では、コシヒカリより粒重が 24%増加(27.6 g)して精玄米重が 2%増収に転じ、フィールドデータ解析による遺伝子相関効果が実証された。

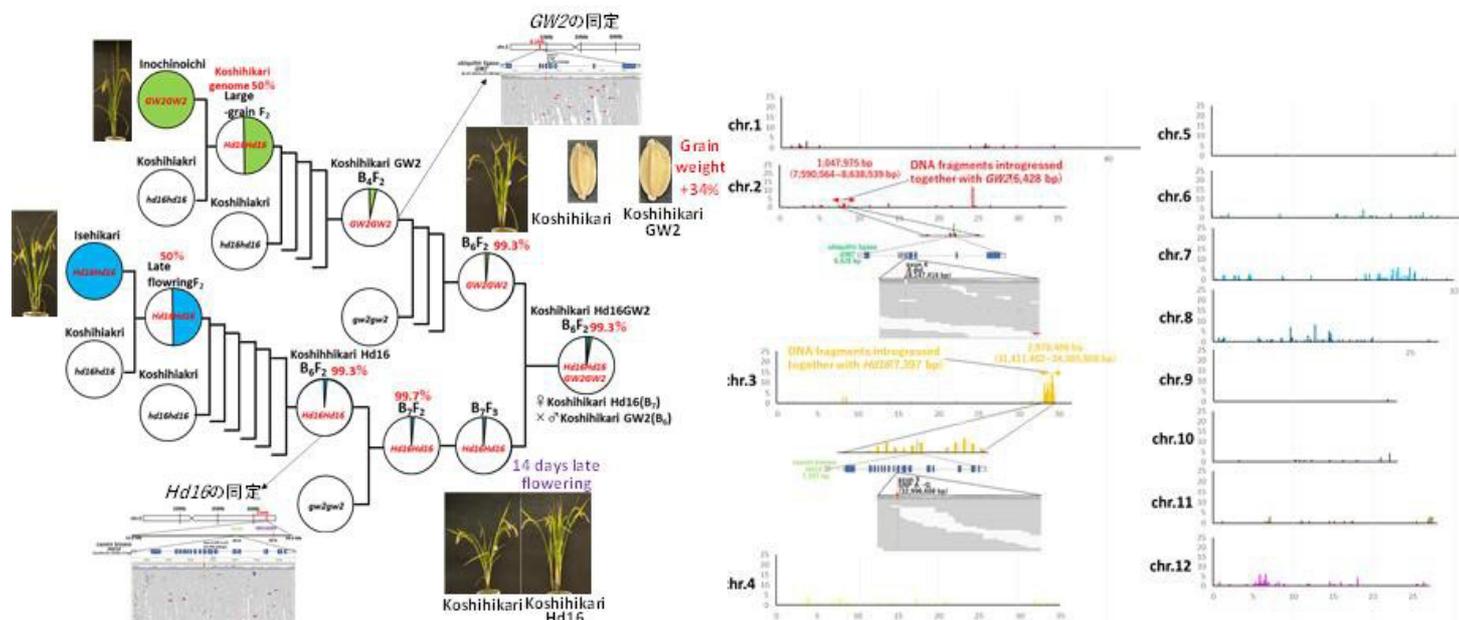


図 3. 大粒・晩生の「コシヒカリ Hd16GW2」の開発 図 4. 大粒・晩生の「コシヒカリ Hd16GW2」の全ゲノム解析

## 社会実装、社会的・環境的インパクト

フィールドデータの主成分分析の結果、*Hd16* に *d60* を加えることによって、晩生の栽培環境においてもコシヒカリと同等の品質を保ち、稈長を短くすることで倒伏に強い形質を獲得していることが実証された(図 2)。「コシヒカリ d60*Hd16*」に適した栽培地域について解析した結果、収量や品質の観点からは穂長や稈長が長い山梨や愛媛が、食味の観点からは温暖で穂長や稈長が短い島根が良いことが認められた(図 5)。各形質の分布をバイオリンプロットで可視化し、平均値の差異の統計学的な有意差を解析した(図 6)。その結果、野生型と比較して、コシヒカリ *Hd16* では稈長が有意に長くなり、「コシヒカリ d60*Hd16*」は有意に短くなって倒伏しにくく、その他の目的形質では統計的な有意差は認められなかったことから、野生型と同等と考えられる。本結果から、「コシヒカリ d60*Hd16*」は晩生の栽培環境においても、野生型と同等の品質・収量を維持しつつ、倒伏しにくいと言える。「コシヒカリ d60*Hd16*」は御殿場コシヒカリの産地で試験栽培され、日本農業新聞第 1 面で報道された。本研究は改良種を用いたスマート農業を進めるうえでの基盤情報となるであろう。

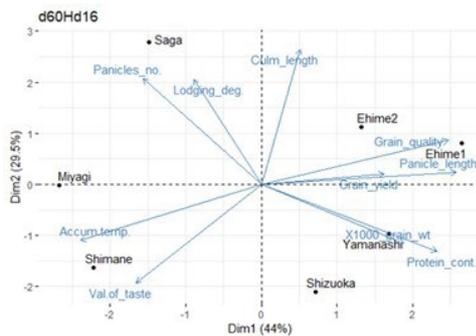


図 5. 「コシヒカリ d60*Hd16*」のフィールドデータの主成分分析

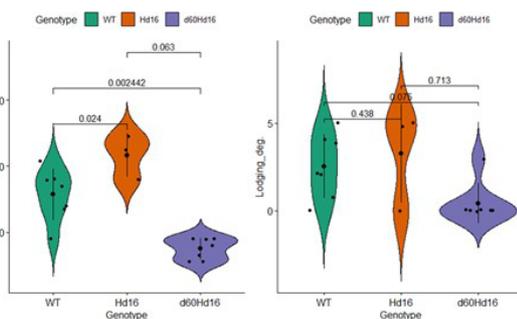


図 6. 各遺伝子型における形質値の比較

## アウトプット実績

[育成者権] *Oryza sativa* L. コシヒカリ駿河 sd1*Hd16*、発明者:富田因則、出願者:静岡大学、

品種登録出願第 37216 号 出願日:2024 年 1 月 10 日

[育成者権] *Oryza sativa* L. コシヒカリ駿河 e1*d60*、発明者:富田因則、出願者:静岡大学、品種登録出願日:2024 年 3 月 25 日

Whole genome sequencing and trait investigation revealed a semidwarf isogenic rice variety with a genome and grain quality similar to the high-demand cultivar Koshihikari. Tomita, M. Genetics and Molecular Research 23(1) 19224, 2024 年 2 月

日本技術士会中部本部生命・環境系部会招待講演. 富田因則、演題「環境耐性植物のスマートゲノム育種による地球規模の気候危機に対する社会実装」2023 年 8 月 20 日

## 外部資金獲得状況

1. 農研機構/生物系特定産業技術研究支援センターBRAIN スタートアップ総合支援プログラム SBIR 支援フェーズ2. 研究代表者: 富田因則. 課題名「気候危機・自動化農業に適応する超多収・頑健遺伝子型植物のスマート育種によるプロセスイノベーション」研究経費:2,000 万円
2. 科学研究費助成事業/挑戦的研究(萌芽). 研究代表者: 富田因則. 課題名「変異シグネチャー育種;変異特徴を考慮したゲノムワイドマーカーの探索と活用」研究経費 650 万円

## その他、特筆すべき事項

1. 日本農業新聞 2023 年 9 月 14 日朝刊静岡版第 10 面「米 猛暑・台風に勝つ 晩生・短稈遺伝子でコシ改良 静岡大学が試験栽培 他産地と差別化へ」
2. 日本農業新聞 2023 年 9 月 28 日朝刊全国版第 1 面および Web 版「高温障害避ける”スーパーコシ” 晩生など 6 品種実証 静岡大学」

## 研究課題：人類の未来を左右するプラスミドの網羅的カタログの構築(続)

研究代表者：新谷 政己准教授（新エネルギー研究コア）

### 研究概要

地球上に存在する微生物の多様性は膨大であり、その数( $10^{30}$ )は全宇宙の星の数( $10^{23}$ )を大きく上回るとされる。微生物は、地球の物質循環や環境維持に重要な役割を果たすと同時に、人類の健康や長寿にも深く関わっている。一方、人類は、下水処理、バイオガス生産、土壌浄化など多方面にわたって、多種多様な微生物群集を用いてきたが、その機能を制御するための詳細な理解はまだ進んでいない。微生物の遺伝子操作に欠かせないプラスミドは、微生物に新たな機能を付与するための重要なツールである。しかし、限られた種類の微生物に対する研究が主であり、多様な微生物種に適用可能なプラスミドの情報が不足している。この情報不足は、研究や応用の面で大きな障壁となっている。加えて、プラスミドは多剤耐性菌の出現と蔓延の一因ともなっており、これが将来的に更なる公衆衛生上の課題を引き起こすことも懸念されている。こうした背景から、本研究ではプラスミドの網羅的なカタログの作成を目指している。この取り組みは、プラスミドの正確な分類と特性の理解を深め、基礎研究から応用研究まで幅広い分野での進展を促すことを目的とする。

昨年度のプロジェクト研究では、環境浄化や農作物との関連性が高い*Pseudomonas*属細菌由来のプラスミドを対象に、分類と性状の詳細なカタログ化を進め、500のプラスミドのうちの7割以上の分類という目標を達成した。そこで、本研究プロジェクトでは、この取り組みを全プラスミドへと拡大する。また、作成したカタログについては、公的データベースと連携して公開し、国内外の研究者や企業によるアクセスを可能にする(図1)。

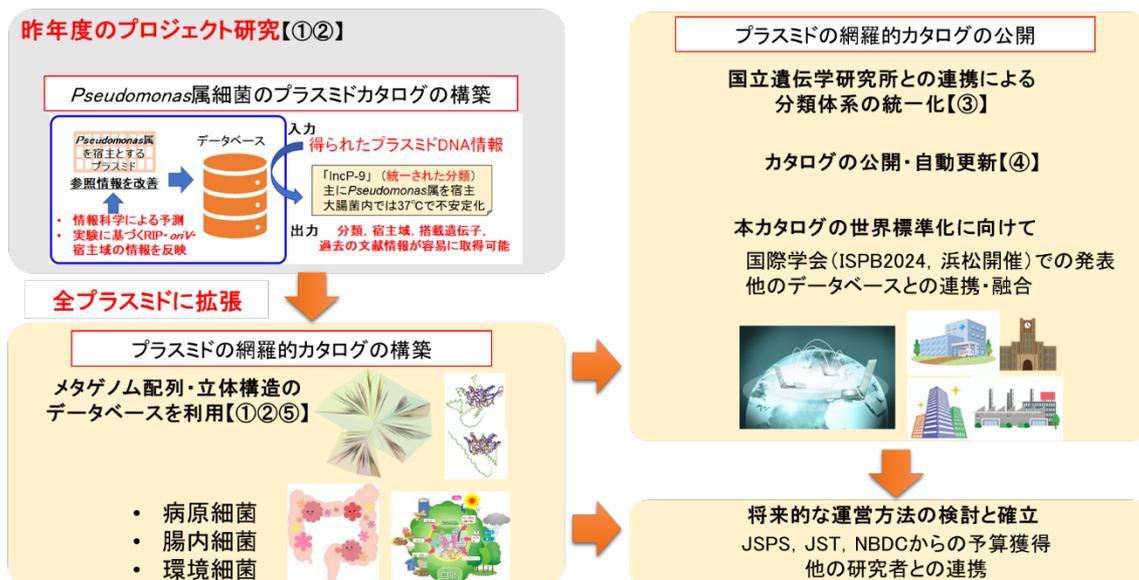


図1. 本重点プロジェクト研究の概要.

以下①～⑤についての位置づけは図1にも記した。

#### ①プラスミドの網羅的な型別

プラスミドの分類の指標として複製、開始を担うタンパク質(replication initiation protein, RIP)をコードする遺伝子配列と、複製開始点(*oriV*)の情報と、接合伝達を担うタンパク質(mobilizing DNA,

MOBおよびmating pair formation, MPF)をコードする遺伝子配列を用いた。未知のプラスミドについては、各タンパク質の機能推定が難しいため、今までに発見された生物の全タンパク質(2.2億種類)のアミノ酸配列(一次構造)と、機械学習を用いたプログラム(AlphaFold2)によって高精度に推定された立体構造(三次構造)の情報を利用して、新規プラスミド上の複製に必要な遺伝子を推測するプログラムを構築した(Plaseekと命名, <https://github.com/YoshitakaMo/plaseek>)。現在、並行して、推定された複製に必要な領域を含むミニプラスミドが、モデル宿主内で複製できるかどうか実験で検証している。また、網羅的な型別が可能になったプラスミドについては、国際共著論文の中でも触れ、Environmental Microbiology誌に発表した(アウトプット2))

## ②プラスミドの宿主域の網羅的推定

代表的な15種類のプラスミドについて、培養可能な微生物群集や環境由来の微生物群集を用いて、どの微生物に接合伝達し、複製されるのか、申請者が確立したセルソーターによる手法で明らかにした。並行して、環境微生物群集内で、対象のプラスミドを保有する微生物を、油相中で安定な、直径30-100  $\mu\text{m}$ の微小液滴[water-in-oil (w/o) droplet]内で行うPCR[multiplex droplet digital (dd) PCR]と、マイクロ流路によって1液滴ずつ分注する技術を組み合わせて同定した。その後、プラスミドと宿主染色体の塩基配列と機械学習を利用して、高精度・高確度に宿主となるかどうか推定する手法を確立した。現在、学習データに含まれないプラスミドの宿主域の推定ができるかどうか実験で検証している。

## ③プラスミドの分類体系の統一化

世界の3か所のDNAデータバンクの一つである、国立遺伝学研究所がもつDDBJと連携して、プラスミドDNAを公的データバンクに登録する際に、混乱をしない遺伝子名と、正しい分類情報を付与できるようなシステムの実装を試みている。まずは、DDBJの自動アノテーションプログラム(遺伝子の推定機能や名前を自動で付与するDFASTというプログラム)に、どのような薬剤耐性遺伝子が含まれているのかを探索可能なプログラムをオプションで選べるようにした。

## ④プラスミドの種類や性状を整理したカタログの公開

作成したカタログの公開を、京都大学のGenomeNet(<https://www.genome.jp/ja/>)と連携して行うための準備を始めた(本サイトには、既に世界的に広く利用されている生命システム情報統合データベースKEGGも含まれる)。現在、公開するべきデータベースの $\beta$ 版を作成中である。本 $\beta$ 版は、執筆中の論文の発表後に公開を予定している。

## ⑤メタゲノム配列からのプラスミドの探索と収集

上の4項目で、型別を行ったプラスミドが、陸・海の種々の環境より得られた全DNA情報(メタゲノム情報)に、どのくらい存在するのかを明らかにするために、まずは、①で明らかにしたRIPのアミノ酸配列(73種類)と、今までに発見された生物の全タンパク質(2.2億種類)を用いて、大系統樹の作製を行った。

--なお、データベースの現状を含め、プラスミド等の可動性遺伝因子による細菌の進化・適応機構について、現在判明している最新の情報を、招待された総説として、Microbial Biotechnology誌に発表した(アウトプット1))

以上①-⑤を遂行し、プラスミドの網羅的カタログを構築した。まだ完成途上であるが、引き続き外部資金等により、本プロジェクトを遂行する。日本発の本カタログが世界標準となるよう、グローバル国内外展開を強力に推進する。

## 社会実装、社会的・環境的インパクト

本研究課題は*Pseudomonas*、属細菌を対象とした昨年プロジェクトを発展させ全、プラスミドを対象を広げ、上の①～⑤を実施し、カタログの拡充をはかった。最終的にはYahoo検索やGoogle検索のように、プラスミドのDNA配列情報を入力すれば、当該プラスミドの分類情報や性状が推定できるシステム構築を目指し、一部は完成しつつある。日本には、ユニークな物質生産・エネルギー生産を可能な微生物が数多くストックされている。本カタログは、こうした微生物の機能解析を容易に進めるのに必須であり、微生物を中心としたバイオプロセスの導入や、カーボンニュートラル社会の構築にも貢献する。また、プラスミドのカタログが充実すれば、問題を生じる感染症の原因微生物がもつ薬剤耐性プラスミドの同定が容易になり、感染拡大の予防に有効な情報を与える。さらには、環境中の微生物のなかには、人類社会に貢献可能な未知の有用微生物が数多く存在すると推定される。こうした未知微生物の利活用にも、本カタログが有益であることは疑いない。また、目指すカタログが真価を発揮するには、より多くの研究・開発者に利用してもらうことが必須である。2024年に浜松市で申請者を副実行委員長として開催する国際プラスミド生物学会 (<https://smartconf.jp/content/ispb2024/>)の地元開催を利用して、作製したカタログの国際的認知度を高め、国外の協力者を増やそうとしている。さらに、申請者は上記学会のTwitterによる発信にも寄与しており、こうした媒体を通じて、本カタログの世界標準化(=グローバル国内外展開)を推進する。

## アウトプット実績

- ・UniCReSS 第5回 静岡県大学研究連携シンポジウム、「日本発のプラスミドデータベースの構築に向けて」、東海大学、2023年8月
  - ・忠北大学招待セミナー(オンライン)Behaviors of plasmids in different environments, 2023年11月
  - ・日本微生物生態学会第36回浜松大会大会シンポジウム「プラスミド生態学の今」コンビーナ、2023年11月
- 1) Tokuda M, Shintani M\* (2024) “Microbial evolution through horizontal gene transfer by mobile genetic elements”, *Microbial Biotechnology*, 17(1):e14408. doi: 10.1111/1751-7915.14408
  - 2) Shintani M, Vestergaard G, Milaković M, Kublik S, Smalla K, Schloter M, Udiković-Kolić N\*. (2023) “Integrations, transposons, and IS elements promote diversification of multidrug resistance plasmids and adaptation of their hosts to antibiotic pollutants from pharmaceutical companies”, *Environmental Microbiology*, 25(12):3035-3051, doi: 10.1111/1462-2920.16481

## 外部資金獲得状況

- ・公益財団法人 発酵研究所 大型助成 (2023-2024)代表
- ・大隅基礎科学創成財団: プラスミドデータベース事業(2023-2025)分担
- ・AMED 新興・再興感染症研究基盤創生事業(海外拠点活用研究領域)(2023-2025)分担

# イベント

Green Science Café

## グリーンサイエンスカフェ



### EXPLORE!

2013年に発足した「グリーン科学技術研究所（通称G研）」の教職員が研究者の夢や失敗談、時には笑いを交えて、SDGs（持続可能な開発目標）にもつながる最先端研究を紹介し、一緒にワクワクしませんか？

- 参加費 無料
- 時間 13:30 から 15:00 まで
- 対象 中学生 から おとな まで  
※小学高学年の御参加



国立大学法人 静岡大学  
グリーン科学技術研究所  
Research Institute of Green Science and Technology

- 共催：静岡科学館らら〜る、浜松科学館みらい〜ら
- 後援：静岡市、浜松市、公益財団法人静岡県文化財団

公式ページから  
申し込み



## グリーンサイエンス カフェ(前半)が開催 されました

<p>6/1 静岡大学 浜松キャンパス</p> <p>佐藤 浩平 化学の力でタンパク質をつくる ～ヒトは大腸菌に勝てるのか？～</p>	<p>7/6 浜松科学館 みらい〜ら</p> <p>狩野 芳伸 生成AIってなに？ ～その仕組みとできること、できないこと～ 共催：浜松科学館</p>	<p>9/21 静岡大学 静岡キャンパス</p> <p>丑丸 敬史 お宝酵母を発掘せよ！ ～酵母がかもす豊かな社会～ *静岡市立高等学校から 小学高学年、および1歳児参加</p>
---	---	---

2024年6月1日(土) 会場：浜松キャンパス工学部

### ◆第1回「化学の力でタンパク質をつくる～ヒトは大腸菌に勝てるのか？～」

今年度の初回、当日は小学生からシニアまで多くの方にご参加いただき、大変盛況でした。まずは講義室で、タンパク質のはたらきや性質について学びました。佐藤先生がタンパク質をつくる目的や大腸菌などの生物の力を借りてつくる理由や、それらが秘める可能性についてわかりやすく解説しました。その後、実験室に移動し、参加者は自分の唾液中のタンパク質の働きを確認する実験を行いました。

2024年7月6日(土) 会場：浜松みらい〜ら

### ◆第2回「生成 AI って何？ ～その仕組みとできること、できないこと～」

狩野 芳伸 准教授による生成AIについての詳細な解説が行われました。狩野先生はまずChatGPTを実際に使用し、何ができるのか、その機能をデモンストレーションすると共に、どのような仕組みで構築されているのかも具体的な事例を交えて解説しました。最新バージョンのChatGPT4.0では、文章の自動生成や要約、翻訳、プログラミングといった多岐にわたる利用方法に加え、写真の状況を文章化するなどの新たな機能が追加されており、参加者はその実演に驚きと関心を示していました。

2024年9月21日(土) 会場：静岡キャンパス 理学部

### ◆第3回「お宝酵母を発掘せよ！ ～酵母がかもす豊かな社会～」

この回では、まず静岡市立高校の生徒3名がミールワームに関する研究を発表しました。参加者の多くは小学生だったため、少し年上の先輩の研究発表は刺激になったことでしょう。続いて、丑丸敬史教授が酵母の基礎知識や重要性について説明し、クラフトビール製作など自身の研究の実例も紹介しました。最後に、参加者たちは光学顕微鏡を用いて実際に酵母を観察し、形状の違いを確認しながらスケッチを取りました。

## EYE ON IT

▼第1回



▼第2回



▼第3回



後半参加者募集中  
詳細は下記から





# The 3rd SU-CNU Joint Symposium 開催報告

2024年7月26日

2024年7月26日(金)、静岡大学グリーン科学技術研究所は、韓国の忠南大学校(CNU)と共催で「The 3rd SU-CNU Joint Symposium」を浜松キャンパスS-Port大会議室において開催しました。

本シンポジウムは、本学の大学間協定学校であるCNUと令和3年度から始まったジョイントシンポジウムであり、3回目となる今回は、CNUのChemical Engineering and Applied Chemistryから7名の講演者にお越しいただき、教員や学生71名が参加しました。

間瀬暢之グリーン科学研究所長の挨拶から始まり、挨拶ではこれまでの本学とCNUとの交流の歴史が紹介されました。基調講演では、本学農学部の特任教授 朴龍洙先生が「Challenge of Practical On-site Virus Detection」として、使い捨て電極を用いた電気化学的バイオセンサーによるウイルス検出に関する研究成果を発表しました。本シンポジウムでは、両大学から計13名の講演者による研究成果や課題についての発表が行われました。特に学生からも多くの質問が出され、時間の不足を感じるほど議論が盛り上がりました。また、休憩時間やレセプションでは、参加者同士が活発に情報交換を行い、両大学の結びつきがさらに強化される大きな進展が見られました。

シンポジウムを通じて、両大学の研究者や学生の交流が深まり、今後の共同研究の基盤となる貴重な機会となりました。今後のさらなる発展が期待されます。前日からの3日間、会場となる浜松は猛暑となりましたが、お越しくださいましたCNUの研究者、サポートして下さった職員の皆様に心より感謝いたします。



# UniCReSS:第6回静岡県大学研究連携シンポジウム /第18回超領域研究会が開催されました

2024年9月13日

暑さの続く9月13日、第6回静岡県大学研究連携シンポジウム/第18回超領域研究会が開催されました。

「静岡県大学研究連携シンポジウム」は「静岡県三大学連携シンポジウム」として2019年に始まり、今年度は2024年4月に静岡駅前開設されたSISTグループ静岡駅前キャンパス4階ホールを会場として開催し、県内外から71名の参加者が集まりました。

シンポジウムは、静岡理工科大学の桐原正之教授、静岡大学の木村雅和教授のご挨拶から始まり、静岡理工科大学の松本健作教授から「半自然構造物」河川堤防の弱点箇所検出」と題して招待講演が行われました。講演では直近で発生した台風10号やハザードマップなども話題に取り上げながら、お話いただきました。続いて、静岡県大学研究連携シンポジウムの参画大学である静岡県立大学、静岡理工科大学、東海大学、浜松医科大学、静岡大学の各大学の5名の講師による依頼講演では、各研究者の様々な取り組みや活用、応用技術への発展についてのご講演いただきました。

休憩時間では活発に情報交換が行われている様子が見られました。県内の大学の研究者の交流の場を提供するとともに、多様な研究連携が広がり深まっていくきっかけとなりました。

**2024 SEP.13th**  
第6回静岡県大学研究連携シンポジウム  
/第18回超領域研究会

静岡県の大学連携、  
そして研究成果を世界に発信！

13:00 - Registration  
13:30 - Start  
16:35 - Close

**招待講演**  
静岡理工科大学 松本 健作 教授  
「半自然構造物」河川堤防の弱点箇所検出

**依頼講演1**  
浜松医科大学 華表 友暁 准教授  
神経変性疾患に対する治療薬開発に向けた取り組み

**依頼講演2**  
東海大学 清水 宗茂 准教授  
マイクロプラスチックの体外排泄に向けた取り組み

**依頼講演3**  
静岡県立大学 原 幸大 准教授  
染色体凝縮を担うコンデンソーム制御サブユニットの構造生物学

**依頼講演4**  
静岡理工科大学 吉川 尚子 教授  
クルマエビにおけるD-グルタミン酸の生理機能

**依頼講演5**  
静岡大学 竹内 純 准教授  
受容体機能を制御するアプシシン酸類縁体の創出

SISTグループ  
静岡駅前キャンパス  
4Fホール

●主催  
静岡大学グリーン科学技術研究所  
/超領域研究推進本部  
静岡理工科大学

●共催  
静岡県立大学  
東海大学静岡キャンパス  
浜松医科大学

●後援  
静岡県、静岡市  
静岡県産業振興財団  
静岡大学食品・生物産業創出拠点

参加申し込み: WEBよりご登録ください。QRコード  
<https://forms.office.com/r/aecVbn289P>  
問い合わせ: kenkyu2@adb.shizuoka.ac.jp



## 生物化学研究室セミナー

2024年4月12日

埼玉大学理工学部  
米山 香織 准教授

【講演題目】  
Strigolactone Story

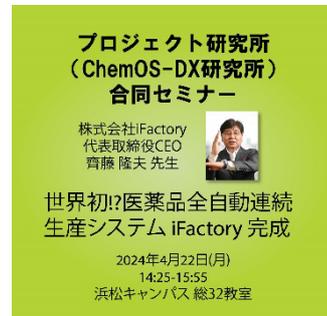


## プロジェクト研究所合同 セミナー

2024年4月22日

株式会社iFactory  
代表取締役CEO  
齊藤隆夫 先生

【講演題目】  
世界初!?  
医薬品全自動連続  
生産システム  
iFactory 完成



## グリーン科学技術研究所 セミナー

2024年7月29日

筑波大学  
計算科学研究センター  
堀 優太 助教

【講演題目】  
量子化学計算による化学  
反応解析



## JSPS外国人招へい研究者 講演会 G研セミナー

2024年9月9日

Professor  
Jun Wang 先生  
Hong Kong Baptist  
University

【講演題目】  
Facile Access to Chiral  
Phosphorus Compounds via  
Transition Metal-catalyzed  
Asymmetric  
Hydrophosphination



## 【プレスリリース】プレバイオティクスであるイソマルトオリゴ糖を分解する細菌酵素の立体構造を解明

2024年5月

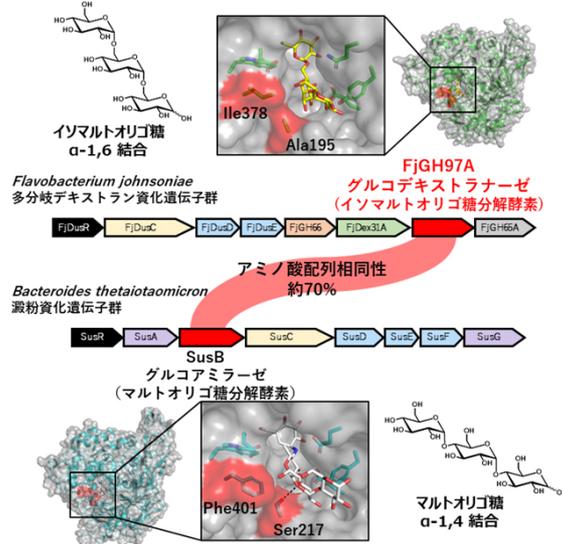
生物分子機能研究コア／農学部の 宮崎 剛亜 准教授 の研究グループは、プレバイオティクス(\*1)として知られるイソマルトオリゴ糖(\*2)を分解する細菌由来酵素の分子構造を解析し、イソマルトオリゴ糖の $\alpha$ -1,6結合を特異的に認識してグルコースに分解する仕組みを原子レベルで明らかにしました。

### 【研究のポイント】

- ・土壌細菌*Flavobacterium johnsoniae*から見出されたイソマルトオリゴ糖をグルコースに分解する酵素(FjGH97A)の分子構造をX線結晶構造解析によって明らかにしました。
- ・FjGH97Aの基質結合部位のアミノ酸残基を1つだけ変えることで、マルトオリゴ糖の $\alpha$ -1,4結合を分解する酵素に変化することが分かりました。
- ・本研究成果は細菌の糖質資化性の予測やその機構解明に寄与することが期待されます。

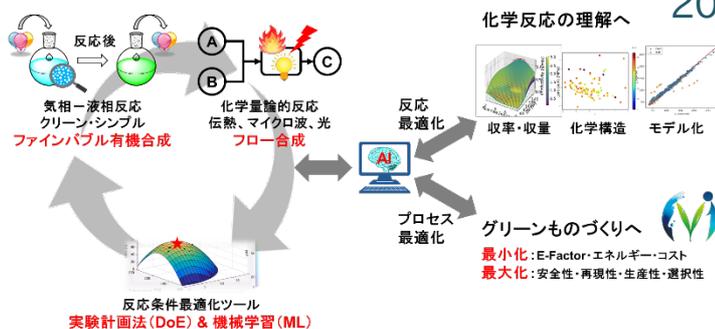
詳しくは下記G研HPよりご確認ください。

<https://www.green.shizuoka.ac.jp/information/20240513/>



## 【プレスリリース】フェアリー化合物の短段階合成手法の開発 ーファインバブル技術を活用したグリーンものづくり

2024年5月



グリーン分子創造技術研究コアの間瀬 暢之 教授 が率いる研究グループは、河岸 洋和 教授(研究当時、現:特別栄誉教授)らによって同大学で発見されたフェアリー化合物(1)の工業的生産を目指した戦略的グリーンものづくり合成法の開発に成功しました。

### 【研究のポイント】

- ・安価な原料を用いたフェアリー化合物の短段階合成を実現(通算収率47%)。
- ・独自開発してきたファインバブル(2)技術を活用したワンポット還元・環化反応の導入。
- ・不安定とされていた中間体の4-ジアゾ-4H-イミダゾール-5-カルボキサミド(DICA)を固体として安定的に単離。
- ・ヨウ素系触媒を使用した超効率的(反応時間13分)な分子内環化反応の新手法の構築。

詳しくは下記G研HPよりご確認ください。 <https://www.green.shizuoka.ac.jp/information/20240514/>

## 峰野 博史 教授が「情報処理学会フェロー」の称号を授与

2024年6月



フィールドインフォマティクス研究コアの峰野博史教授が、2023年度「情報処理学会フェロー」の称号を授与されました。

情報処理学会(The Information Processing Society of Japan, IPSJ)は、日本の情報処理に関する主要な学術団体の一つ(会員数約2万人)であり、情報処理技術の発展と普及を目的としています。1960年に設立され、学術論文の発表、研究交流、技術の普及啓発などを行っています。情報処理学会は、コンピュータ科学、情報工学、情報システムなど、広範囲の情報関連分野にわたる研究を推進しています。また、学会誌や学術論文誌の発行、学会大会や研究会の開催などを通じて、情報処理技術の最新の動向を学び、研究者同士の交流を促進しています。

情報処理学会では、情報処理および情報通信等の分野で貢献した会員に対し、その貢献を称えるとともに、その貢献が広く周知されるよう社会的認知度を高めることを目的として、平成11年度からフェローが設立されました。当該分野で学術的または産業的発展・普及・振興などに対して、著しい貢献を果たした会員に「情報処理学会フェロー」の称号が授与されます。フェロー称号の授与によって、過去の貢献に対して尊敬と感謝の意を示すとともに、将来にわたって引き続き学会の活性化、さらには社会貢献も期待されるものです。

峰野教授のこれまでの「情報科学的アプローチからの情報協働栽培技術に関する研究開発および学会運営に対する貢献」が認められ、2023年度「情報処理学会フェロー」の授与となりました。

なお詳細については、以下をご覧ください。

情報処理学会フェロー

(<https://www.ipsj.or.jp/annai/aboutipsj/fellow/fellow.html>)

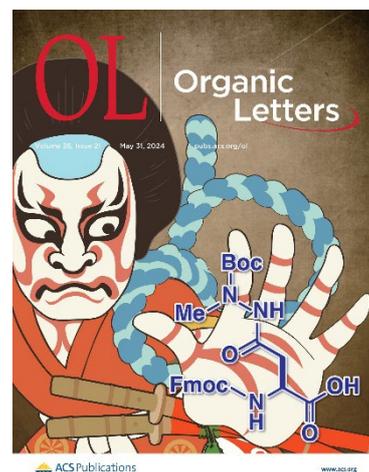
## 佐藤 浩平 助教の研究成果がOrganic LettersのSupplementary Coverに採択されました

2024年6月

グリーン分子創造技術研究コア、佐藤浩平助教の研究成果がOrganic Lettersに受理され、Supplementary Coverに採択されました。

論文タイトル:

Leveraging Hydrazide as Protection for Carboxylic Acid:  
Suppression of Aspartimide Formation during Fmoc Solid-Phase Peptide Synthesis



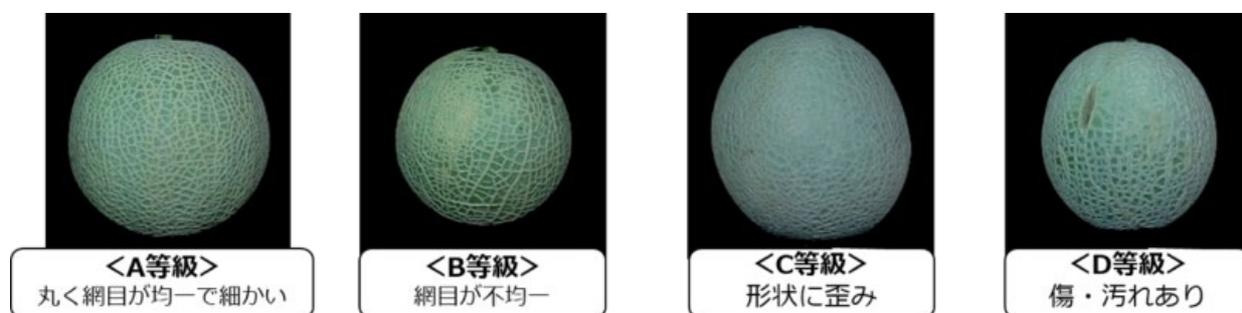
## 【プレスリリース】生成データ拡張手法でメロン等級判定AIの精度向上を実現

2024年7月

国立大学法人静岡大学(所在地:静岡県静岡市、学長:日詰 一幸、以下、静岡大学)は、株式会社大和コンピューター(所在地:大阪府高槻市、代表取締役社長:中村 憲司、以下、大和コンピューター)との農知創造研究に関する共同研究により、メロン等級判定AI(人工知能)の精度向上に寄与する生成データ拡張手法の研究開発に成功しました。

詳しくは下記G研HPよりご確認ください。

<https://www.green.shizuoka.ac.jp/information/20240709/>



メロンの等級判定の例

## フィールドインフォマティクス研究コアの狩野 芳伸 准教授がJSTさきがけ研究に採択

2024年9月

フィールドインフォマティクス研究コアの狩野芳伸准教授が科学技術振興機構(JST)戦略的創造研究推進事業さきがけ「文理融合による人と社会の変革基盤技術の共創」領域の新規研究課題「社会精神状態と世論形成過程のシミュレーション」として採択されました。

JSTのプレスリリース

<https://www.jst.go.jp/pr/info/info1714/index.html>



戦略的創造研究推進事業は、社会・経済の変革をもたらす科学技術・イノベーションを生み出す、新たな科学知識に基づく革新的技術のシーズを創出することを目的とした基礎研究を推進するものです。

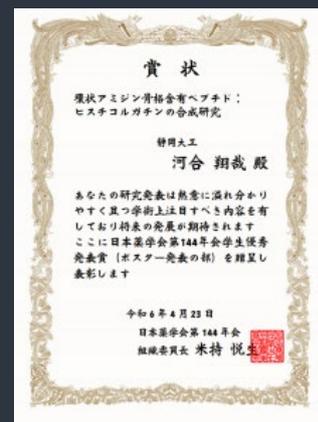
※狩野研究室の専門分野は自然言語処理で、人間のように言葉を扱えるAIの構築と、対話・医療・法律・政治の各分野での応用に取り組んでいます。

## 受賞

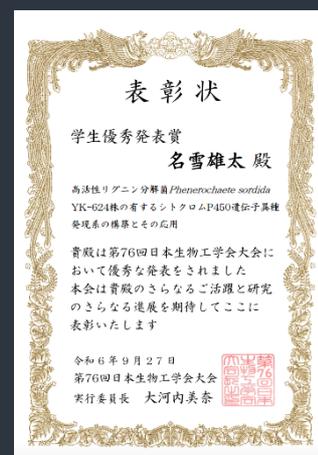
- 2024年8月  
Outstanding Poster Award, The 18th Chinese International Peptide Symposium 佐藤 浩平 助教  
タイトル: Suppression of Aspartimide Formation in Peptide Synthesis Using Aspartic Acid Hydrazide Derivatives
- 2024年9月  
日本応用糖質科学会 奨励賞 中村 彰彦 准教授  
タイトル: 結晶性糖質分解酵素の構造機能解析

## 学生の受賞

- 2024年4月  
総合科学技術研究科 河合 翔哉さん(指導教員: 鳴海 哲夫 准教授)が日本薬学会第143年会で学生優秀発表賞を受賞しました。  
発表タイトル: 環状アミジン骨格含有ペプチド: ヒスチコルガチンの合成研究
- 2024年5月  
総合科学技術研究科 足立 量さん(指導教員: 峰野 博史 教授)が情報処理学会より情報処理学会 第40回CDS研究会学生奨励賞を受賞しました。  
受賞論文: 植物体のトラッキングにおける画角評価手法の提案
- 2024年6月  
総合科学技術研究科 原田 海斗さん(指導教員: 峰野 博史 教授)が情報処理学会よりDICOMO2024 優秀プレゼンテーション賞を受賞しました。  
受賞論文: 連合学習を用いた複数ドメインにまたがるCSIベースの位置推定システムに関する初期検討
- 2024年6月  
総合科学技術研究科 大沼 理巧さん(指導教員: 峰野 博史 教授)が情報処理学会よりDICOMO2024 優秀プレゼンテーション賞を受賞しました。  
受賞論文: Tracking Any Point技術に基づく萎れ定量化による自動灌水制御手法の検討
- 2024年6月  
総合科学技術研究科 海老沢 源さん(指導教員: 峰野 博史 教授)が情報処理学会よりDICOMO2024 ヤングリサーチャー賞を受賞しました。  
受賞論文: 画像生成モデルを用いたドメイン適応型データ拡張手法によるメロン等級判定モデルの評価
- 2024年6月  
総合科学技術研究科 竹田 実央さん(指導教員: 鳴海 哲夫 准教授)が27th Korean Peptide Protein Society Symposium (KPPS)よりDevelopment of a chemically stable peptidomimetic of Hexapeptidic Neuromedin U Receptor 2 Agonistを受賞しました。
- 2024年9月  
総合科学技術研究科 増元 めぐみさん(指導教員: 新谷 政己 教授)がInternational Symposium on Plasmid Biology 2024よりInternational Symposium on Plasmid Biology 2024 Hamamatsu Prize (Best Poster Award)を受賞しました。  
96演題のポスターのうち、招待講演者、国内外のPIによる査読、投票で5演題が選出。
- 2024年9月  
総合科学技術研究科 末野 通洋さん(指導教員: 峰野 博史 教授)が情報処理学会よりFIT2024奨励賞を受賞しました。  
受賞論文: オートエンコーダとOC-SVMを用いた転倒検出手法の開発
- 2024年9月  
総合科学技術研究科 名雪 雄太さん(指導教員: 平井 浩文 教授)日本生物工学会(第76回日本生物工学会大会)より学生優秀発表賞を受賞しました。  
発表題目: 高活性リグニン分解菌Phenerochaetesordida YK-624株の有するシトクロムP450遺伝子異種発現系の構築とその応用



新谷教授と増元さん(右)



## 報道

- 2024/05/15 日本経済新聞 間瀬 暢之 教授  
フェアリー化合物の短段階合成手法の開発[国立大学法人 静岡大学]
- 2024/05/14 産経新聞 間瀬 暢之 教授  
フェアリー化合物の短段階合成手法の開発
- 2024/05/15 毎日新聞 間瀬 暢之 教授  
フェアリー化合物の短段階合成手法の開発
- 2024/07/17 PRTimes 間瀬 暢之 教授  
ATAC×アカデミア研究者による共同創業スタートアップ“Bubble & Flow”、本格始動
- 2024/05/24 科学新聞 間瀬 暢之 教授  
農作物増収に貢献 フェアリー化合物
- 2024/08/15 読売新聞朝刊7面 峰野 博史 教授  
メロンの等級 AI判断
- 2024/06/09 静岡新聞 丑丸 敬史 教授  
南アルプス エコパーク登録10周年
- 2024/04/08 電化新聞第3776号 一家 崇志 准教授  
PCIで植物の初期育成促進
- 2024/04/23 中日新聞(静岡版) 朝刊 1面 一家 崇志 准教授  
使用済み茶葉で循環作りたい
- 2024/08/18 読売新聞朝刊27面 一家 崇志 准教授  
茶葉からたんぱく質抽出



## 論文発表 (2023年10月-2024年3月, CiteScore4以上)

- Shiori Oishi, Yasukiyo Yoshioka, Hideo Dohra, Noriyuki Miyoshi, Chickpea proteins are potential sources of bioactive peptides that induce glucose uptake via AMP-activated protein kinase, *Food Bioscience*, 59/, -, 104029, (IF4.8)(2024/04)
- Arun Kumar Manna, Mizuki Doi, Keiya Matsuo, Hiroto Sakurai, Ch Subrahmayam, Kohei Sato, Tetsuo Narumi, Nobuyuki Mase, Fine bubble technology for the green synthesis of fairy chemicals, *Organic & Biomolecular Chemistry*, 22/17, 3396-3404,, (IF3.2)(2024/04)
- Shuntaro Nakamura, Rikuya Kurata, Takatsugu Miyazaki, Structural insights into  $\alpha$ -(1 $\rightarrow$ 6)-linkage preference of GH97 glucodextranase from *Flavobacterium johnsoniae*, *FEBS Journal*, 291/14, 3267-3282, (2024/04)
- Yuki Miyasaka, Kohei Yokoyama, Takuma Kozono, Yoshikazu Kitano, Takatsugu Miyazaki, Masayoshi Sakaguchi, Atsushi Nishikawa, Takashi Tonozuka, Structural basis for the recognition of  $\alpha$ -1,6-branched  $\alpha$ -glucan by GH13\_47  $\alpha$ -amylase from *Rhodothermus marinus*, *Proteins: Structure, Function, and Bioinformatics*, 92/8, 984-997, (2024/04)
- Manna, A. K.; Doi, M.; Matsuo, K.; Sakurai, H.; Subrahmanyam, C.; Sato, K.; Narumi, T.; Mase, N., Fine bubble technology for the green synthesis of fairy chemicals, *Organic & Biomolecular Chemistry*, 22/17, 3396-3404, (IF3.2)(2024/04)
- Narumi, T.; Toyama, D.; Fujimoto, J.; Kyan, R.; Sato, K.; Mori, K.; Pearson, J. T.; Mase, N.; Takayama, K., Amide-to-chloroalkene substitution for overcoming intramolecular acyl transfer challenges in hexapeptidic neuromedin U receptor 2 agonists, *Chemical Communications*, 60/26, 3563-3566, (IF4.9)(2024/04)
- Zhiqing Feng, Soutaro Honda, Junya Ohyama,\* Yasushi Iwata, Keisuke Awaya, Hiroshi Yoshida, Masato Machida, Kotaro Higashi, Tomoya Uruga, Naomi Kawamura, Ryota Goto, Takeo Ichihara, Ryoichi Kojima, Makoto Moriya, Hideo Notsu, Shinsuke Nagata, Mami Miyoshi, Teruaki Hayakawa, and Yuta Nabae, Structural Effects of FeN4 Active Sites Surrounded by Fourteen- Membered Ring Ligands on Oxygen Reduction Reaction Activity and Durability, *ACS Catalysis*, 14/, 7416-7425, (IF11.3)(2024/04)
- Kohei Sato, Haruna Uemura, Tetsuo Narumi, Nobuyuki Mase, Leveraging Hydrazide as Protection for Carboxylic Acid: Suppression of Aspartimide Formation during Fmoc Solid-Phase Peptide Synthesis, *Organic Letters*, 26/21, 4497-4501, (IF5.2)(2024/05)
- D. Arima, S. Hidaka, S. Yokomori, Y. Niihori, Y. Negishi, R. Oyaizu, T. Yoshinami, K. Kobayashi,\* M. Mitsui\*, Triplet-Mediator Ligand-Protected Metal Nanocluster Sensitizers for Photon Upconversion., *J. Am. Chem. Soc.*, 146/24, 16630-16638, (IF15)(2024/05)

- Kato T, Azegami J, Kano M, El Enshasy HA, Park EY., Induction of oxidative stress in sirtuin gene-disrupted *Ashbya gossypii* mutants overproducing riboflavin, *Molecular Biotechnology*, 66/5, 1144-1153, (IF2.4)(2024/05)
- Shicai Liang, Huan Wang, Hiroto Yamashita, Shuning Zhang, Xuxu Lang, Jiaxuan Yue, Shan He, Yu Wang, Kai Fan, Zhaotang Ding, Takashi Ikka, Wenjun Qian, Genome-wide identification and expression analysis of sucrose phosphate synthase and sucrose-6-phosphate phosphatase family genes in *Camellia sinensis*, *Beverage Plant Research*, /, -, e015, (IF2.81)(2024/05)
- Suzuki, T. Casareto, B. E. Yucharoen, M. Dohra, H. Suzuki, Y., Coexistence of nonfluorescent chromoproteins and fluorescent proteins in massive *Porites* spp. corals manifesting a pink pigmentation response, *Frontiers in Physiology*, 15/, -, 1339907 , (IF3.2)(2024/06)
- Satoru Kondo, Miho Ishioka, Chihiro Hoshi, Hiroyuki Tomiyama, Yukino Masuda, Souma Murata, Takanori Saito, Katsuya Ohkawa, Hitoshi Ohara, Naoto Iwasaki, Sutthiwal Seta, Wei Heng, Jun Takeuchi, Yasushi Todoroki, Effects of blue-light irradiation on abscisic acid signaling and sugar translocation in *Vitis labruscana* L.H. Bailey grapevines, *Plant Growth Regulation*, /, -, (IF5)(2024/08)
- Yui Ogura, Yoshihito Hashino, Akihiko Nakamura, Direct Screening of PET Hydrolase Activity in Culture Medium Based on Turbidity Reduction, *ACS Omega*, /, -, (2024/08)
- Ankur Kumar Tanwar, Neha Sengar, Nobuyuki Mase and Inder Pal Singh, Tetrahydroisoquinolines – an updated patent review for cancer treatment (2016 – present), *Expert Opinion On Therapeutic Patents*, /, -, (IF6.714)(2024/08)
- R. Yin, J. Wu, K. Nagai, T. Mori, A. Ono, J. Wang, H. Kawagishi, H. Hirai, Biodegradation of non-steroidal anti-inflammatory drug loxoprofen by a hyper lignin-degrading fungus *Phanerochaete sordida* YK-624 under non-ligninolytic conditions, *Chemosphere*, 364/, -, 143265, (IF8.1)(2024/09)

## 科研費 採択状況・新規

### 一家 崇志 准教授

- ・ 基盤研究(C): チャ(茶樹)の不定胚形成を誘発する体細胞リプログラミング要因の解明(分担) 2024/04~2027/03

### 間瀬 暢之 教授

- ・ 挑戦的研究(萌芽): アルキメデスの螺旋に学ぶ未解決スラリーフロー連続合成の挑戦(代表) 2024/04~2026/03
- ・ 学術変革領域研究(A): グリーンものづくりに向けた合成プロセスの機械学習最適化と自動化(代表) 2024/04~2026/03
- ・ 基盤研究(B): ファインバブル化学: 多相系界面特殊反応場を駆使した革新的グリーンものづくり(代表) 2024/04~2027/03

### 小林 健二 教授

- ・ 基盤研究(B): 三重項媒介配位子保護金属クラスターによる太陽光照度での高効率な近赤外-可視光変換(分担)(2024/04~2027/03)

### 大吉 崇文 准教授

- ・ 基盤研究(C): グアニン四重鎖含有DNAからの転写を制御する人工転写因子の開発(代表)(2024/04~2027/03)

### 大西 利幸 教授

- ・ 学術変革領域研究(A): 温度変動下での樹木の揮発性テルペン放散制御メカニズムの解明(代表)(2024/04~2026/03)

### 中村 彰彦 准教授

- ・ 基盤研究(B): 天然結晶分解酵素を模倣した結晶性プラスチック分解酵素システムの開発(代表)(2024/04~2027/03)

### 峰野 博史 教授

- ・ 基盤研究(B): 社会行動のAI分析と腸内細菌叢の再構築で紐解くミツバチ脳腸相関(分担)(2024/04~2027/03)
- ・ 挑戦的研究(萌芽): Keypoint検出を用いた特異な昆虫行動追跡による個体識別の実現(代表)(2024/04~2027/03)

### 崔 宰熏 教授

- ・ 国際共同研究加速基金: シロイヌナズナにおけるフェアリー化合物の成長制御機構に関する分子遺伝学的解明(代表)(2024/04~2027/03)

## 科研費 採択状況・継続

### 一家 崇志 准教授

- ・ 基盤研究(B): 単子葉植物に特有なアブシシン酸シグナル伝達機構の解明(分担)(2022/04~2025/03)
- ・ 特別推進研究: フェアリー化合物の科学とその応用展開(分担)(2020/08~2025/03)

### 宮崎 剛亜 准教授

- ・ 基盤研究(C): 厳密な基質特異性を有する新規 $\alpha$ -グルカン分解酵素を駆使したオリゴ糖生産技術の開発(代表)(2023/04~2026/03)

### 原 正和 教授

- ・ 挑戦的萌芽研究: 植物天然変性タンパク質の優れた超低温特性を利用した製剤凍結保存技術に関する研究(代表)(2022/08~2025/03)

### 轟 泰司 教授

- ・ 基盤研究(B): アブシシン酸制御剤の創出と応用による種子の二次休眠誘導機構の解明と休眠制御(代表)(2023/04~2027/03)

## 科研費 採択状況・継続

### 佐藤 浩平 助教

- ・ 基盤研究(C): タンパク質化学合成を基盤としたエステル連結ユビキチンシグナル解析プローブの創製(代表)(2022/04~2025/03)

### 狩野 芳伸 准教授

- ・ 基盤研究(B): SNS・新聞記事・議会議事録を用いたAIによる世論形成過程と政治家の応答性の分析(代表)(2022/04~2027/03)

### 小林 健二 教授

- ・ 基盤研究(B): 大環状パイ共役アントラセン-アセチレン6量体の創製と機能および超分子化学特性(代表)(2022/04~2025/03)

### 松井 信 教授

- ・ 基盤研究(B): 原子スペクトル線吸収を利用した近赤外レーザー維持プラズマの高効率化の検証(代表)(2023/04~2026/03)
- ・ 挑戦的研究(開拓): レーザーを熱源とする炭素フリーのアルミニウム製錬法の開発(分担)(2022/07~2026/03)

### 新谷 政己 教授

- ・ 基盤研究(B): プラスミドと細菌の共存機構に関する基盤研究(代表)(2023/04~2026/03)

### 大西 利幸 教授

- ・ 基盤研究(B): 「香り」の配糖化が強化する植物防御力の分子メカニズム(代表)(2023/04~2027/03)

### 竹内 純 准教授

- ・ 挑戦的研究(萌芽): N-degron経路を利用した植物内タンパク質のケミカルノックダウン(代表)(2023/07~2025/03)

### 道羅 英夫 教授

- ・ 基盤研究(B): 細菌との相互作用を利用した新たな白色腐朽菌機能制御技術の開発(分担)(2023/04~2026/03)
- ・ 挑戦的研究(萌芽): プリン代謝産物による植物由来アルギニン依存性一酸化窒素合成酵素の探索(分担)(2022/06~2025/03)

### 富田 因則 教授

- ・ 挑戦的研究(萌芽): 変異シグネチャー育種;変異特徴を考慮したゲノムワイドマーカーの探索と活用(代表)(2023/07~2025/03)

### 平井 浩文 教授

- ・ 基盤研究(C): 高活性リグニン分解菌を用いた新規リグニンリファイナリー技術の構築(代表)(2023/06~2025/03)
- ・ 基盤研究(A): 白色腐朽菌の環境汚染物質代謝能の意義解明及び汚染環境浄化への発展的応用(代表)(2021/04~2025/03)

### 鳴海 哲夫 准教授

- ・ 基盤研究(B): アルケン型ペプチド結合等価体の二次構造特性の解明と創薬展開(代表)(2023/04~2027/03)

### 崔 宰燾 教授

- ・ 基盤研究(B): フェアリーリング病の発生機序に関わる化学分子機構の解明(代表)(2023/04~2027/03)
- ・ 学術変革領域研究(A): フェアリー化合物の生合成・代謝メカニズムの解明(代表)(2023/04~2025/03)
- ・ 萌芽的研究: プリン代謝産物による植物由来アルギニン依存性一酸化窒素合成酵素の探索(代表)(2022/07~2025/03)

## 科研費以外の外部資金 採択状況:継続

### 一家 崇志 准教授

- 生物系特定産業技術研究支援センター 戦略的スマート農業技術等の開発・改良 「茶のスマート有機栽培技術体系の開発と現地実証試験」(分担)
- 国立研究開発法人農業・食品産業技術総合研究機構 生物系特定産業技術研究支援センター 食料安全保障強化に向けた革新的新品種開発プロジェクトのうち 食料安全保障強化に資する新品種開発 「国内生産力の強化を図るための果樹・茶品種の開発」(分担)
- 国立研究開発法人新エネルギー・産業技術総合開発機構 (NEDO) グリーンイノベーション基金事業/ 食料・農林水産業のCO2等削減・吸収技術の開発 「農業副産物を活用した高機能バイオ炭の製造・施用体系の確立」(分担)

### 狩野 芳伸 准教授

- 科学技術振興機構 戦略的創造研究推進事業 AIP加速課題通常型 「精神医学×メディア解析技術の展開:精神疾患への介入の挑戦」(分担)
- セコム科学技術振興財団 特定領域研究 情報セキュリティ分野「超スマート社会の「悪」の研究」 「SNSにおける欺瞞とその広がり」の自動検出・推測と政治学・社会学的分析および予防的介入」(代表)

### 佐藤 浩平 助教

- 豊田理化学研究所 2024年度豊田理研スカラー共同研究 Phase1 「合成化学と理論計算の融合を起爆剤とする精密設計タンパク質工学の開拓」(代表)

### 新谷 政己 教授

- 公益財団法人発酵研究所 2023年度大型研究助成 「日本発の網羅的プラスミドデータベースの構築」(代表)

### 崔 宰熏 教授

- 公益財団法人 松籟科学技術振興財団 研究助成金  
「シロイヌナズナにおけるフェアリー化合物の生理的役割の解明」(代表)

### 富田 因則 教授

- 生物系特定産業技術研究支援センターBRAIN スタートアップ総合支援プログラムSBIR支援フェーズ2 「気候危機・自動化農業に適應する超多収・頑健遺伝子型植物のスマート育種によるプロセスイノベーション」(代表)

### 中村 彰彦 准教授

- JST 創発的研究事業 「プラスチックを探して壊すバイオマイクロドローンの創出」(代表)

### 二又 裕之 教授

- 科学技術振興機構(JST) CREST 「独創的原理に基づく革新的光科学技術の創生」(分担)

### 間瀬 暢之 教授

- 経済産業省 成長型中小企業等研究開発支援事業(Go-Tech事業) 「核酸連続生産装置の開発」(分担)

### 峰野 博史 教授

- 公益財団法人浜松地域イノベーション推進機構 A-SAP 産学官金連携イノベーション推進事業 「高品質メロンの養液栽培のための、計測・分析システムの構築」(代表)
- 国立研究開発法人科学技術振興機構 創発的研究支援事業 「マルチモーダルフェノタイピングによる適応型情報協働栽培手法の確立」(代表)

## 科研費以外の外部資金 採択状況:新規(2024年4月~2024年9月)

### 佐藤 浩平 助教

- ・ 豊田理化学研究所 2024年度豊田理研スカラー共同研究 Phase1 「合成化学と理論計算の融合を起爆剤とする精密設計タンパク質工学の開拓」(代表)

### 峰野 博史教授

- ・ 国立研究開発法人科学技術振興機構 創発的研究支援事業 「マルチモーダルフェノタイピングによる適応型情報協働栽培手法の確立」(代表)

### 一家 崇志准教授

- ・ 国立研究開発法人新エネルギー・産業技術総合開発機構 (NEDO) グリーンイノベーション基金事業/食料・農林水産業のCO2等削減・吸収技術の開発 「農業副産物を活用した高機能バイオ炭の製造・施用体系の確立」(分担)

## 特許出願 (2024年4月~2024年9月)

### 間瀬 暢之 教授

- ・ 「高分子化合物水素化物の製造方法」  
特許第7474437号 登録日:2024/04/17
- ・ 「アミン化合物の製造方法」  
特許第7514465号 登録日:2024/07/03

### 富田 因則 教授

- ・ 「*Oryza sativa* L. コシヒカリ駿河d63」  
品種登録第30299号 登録日:2024/06/26



お問い合わせ先:静岡大学 学術情報部研究協力課 研究支援係  
グリーン科学技術研究所HP <http://www.green.shizuoka.ac.jp/>  
Phone: 054-238-4264 Email: kenkyu2@adb.shizuoka.ac.jp



-  <https://www.instagram.com/rigst.su.green/>
-  <https://www.fb.com/RIGST.SU>
-  <https://sutv.shizuoka.ac.jp/subchannel/325>
-  <https://twitter.com/RigstSu>

