

## 2P-1005 乳児期のビフィダスフローラ形成と宿主の生育・健康状態の関連性解析

○是則 有希<sup>1</sup>, 小林 貴子<sup>1</sup>, 鷺尾 昌一<sup>2</sup>, 清原 千香子<sup>3</sup>, 園元 謙二<sup>1,4</sup>, 中山 二郎<sup>1</sup>  
(<sup>1</sup>九大院・農,<sup>2</sup>聖マリア学院大・看護,<sup>3</sup>九大院・医,<sup>4</sup>九大・バイオアーク)

【目的】生後まもなく乳児腸管に形成されるビフィダスフローラは、安定で健康な腸内環境に重要であると言われている。本研究では、ビフィダス菌数の簡易測定法を確立し、乳児におけるビフィダス菌の定着と宿主の生育・健康状態との相関を解析した。【方法】計53名の乳児から生後1, 2ヶ月時の糞便サンプルを採集し、授乳形態、排便状況、体重、さらに生後1年後のアレルギー罹患に関するアンケート調査を実施した。糞便からFTAカードを用いて細菌DNAを抽出後、ビフィダス菌の16S rDNA量を定量PCRによって測定し、糞便1g中当たりのビフィダス菌数を求めた。そして、各アンケート項目との関連性を統計解析した。【結果】生後2ヶ月時の混合乳栄養児と母乳栄養児のビフィダス菌数を比較したところ、混合乳栄養児において有意に高かった( $p=0.0011$ )。また、生後1, 2ヶ月時の排便頻度の高い乳児(1日平均4回以上)と低い乳児のビフィダス菌数を比較したところ、排便頻度の低い乳児において有意に高かった( $p=5.3e-05$ ,  $p=0.0041$ )。また、低体重児(生後2ヶ月時において5000g以下)には、ビフィダス菌数が $10^9/g$ 以下の被験者の割合が多い傾向にあった( $p=0.062$ )。ビフィダス菌数と生後1年間のアレルギー罹患との相関は見られなかった。【考察】人工乳が母乳によるビフィダスフローラ形成誘導を補助している可能性が示唆された。また、ビフィダスフローラと宿主の生育に何らかの関連性があることが示唆された。

## Impact of *Bifidobacterium* colonization in infancy on host health and growth

○Yuki KORENORI<sup>1</sup>, Takako KOBAYASHI<sup>1</sup>, Masakazu WASHIO<sup>2</sup>, Tikako KIYOHARA<sup>3</sup>, Kenji SONOMOTO<sup>1,4</sup>, Jiro NAKAYAMA<sup>1</sup>  
(<sup>1</sup>Fac. Agric., Kyushu Univ., <sup>2</sup>Sch. Nursi. St. Mary's College, <sup>3</sup>Fac. Med., Kyushu Univ., <sup>4</sup>Bio-arch. Kyushu Univ.)

**Key words** bifidobacterium, 16S rDNA, infant, gut microflora

## 2P-1007 タイ産新規キシラン分解酵母の分離と分類学的研究

○川崎 浩子<sup>1</sup>, Boonmak Chanita<sup>1</sup>, Limtong Savitree<sup>2</sup>, Jindamorakot Sasitorn<sup>3</sup>, Am-In Somjit<sup>3</sup>, Yongmanitchai Wichien<sup>2</sup>, 中瀬 崇<sup>1</sup>, 鈴木 健一朗<sup>1</sup>  
(<sup>1</sup>製品評価技術基盤機構・NBRC,<sup>2</sup>Kasetsart Univ.,<sup>3</sup>BIOTEC)

【目的】バイオ燃料生産を念頭においた新規優良株の探索を目的に、タイ王国の様々な試料より、バイオエタノールやその他バイオ燃料中間物質生産のためのnon-Saccharomyces属酵母の分離を行った。そのうち、グルコースからのエタノール発酵能を有する酵母とキシロースあるいはキシランを炭素源として資化できる酵母について選抜し、分類学的諸性質を調べた。本発表では、新規キシラン分解酵母について報告する。

【方法及び結果】タイ王国東部を中心に、植物、土壌、発酵食品を収集し、数種類の培地を用いて分離した。得られた278株について、26S rDNA D1/D2領域の塩基配列に基づく分子系統解析の結果、10株に対し9つの新規分類群が示唆された。そのうちのトウモロコシとワラより分離された2株は、*Candida subhashii*に最も近縁であったがその類似度は低く(<94.2%)、かつ生理生化学性状も既知種とは異なっていたことから、*Spathaspora* クレードの新種と結論し、*Candida xylanilytica* sp. nov.を提案した<sup>1)</sup>。本種は、植物の細胞壁のヘミセルロースの主成分であるキシランを資化する酵母であり、かつ細胞内に多量のオイルを蓄積する性質を持っていた。

1) Chanita et al., *Int. J. Syst. Evol. Microbiol.*, in press 2010.

## Isolation and taxonomic study of a novel xylan degrading yeast species isolated from Thailand

○Hiroko Kawasaki<sup>1</sup>, Chanita Boonmak<sup>1</sup>, Savitree Limtong<sup>2</sup>, Sasitorn Jindamorakot<sup>3</sup>, Somjit Am-In<sup>3</sup>, Wichien Yongmanitchai<sup>2</sup>, Takashi Nakase<sup>1</sup>, Ken-Ichiro Suzuki<sup>1</sup>  
(<sup>1</sup>NBRC, NITE,<sup>2</sup>Kasetsart Univ.,<sup>3</sup>BIOTEC)

**Key words** xylan degrading yeast, *Candida xylanilytica*

## 2P-1006 担子菌系酵母 *Cryptococcus* 属の分離とその分類学的研究

○山崎 敏史, 鈴木 健一朗, 川崎 浩子  
(製品評価技術基盤機構・NBRC)

【目的】脂質を菌体内に蓄積する担子菌系酵母として知られる *Cryptococcus* 属酵母は、多種の糖を資化・利用することができるため、非食用資材からの脂質合成という面で、食料・燃料等の産業への応用が見込まれている。そこで、本研究では、脂質産生新規 *Cryptococcus* 属酵母の取得を目指し、自然界より *Cryptococcus* 属酵母を分離し、それらの機能と新規性を調べ、分類学的研究を行った。

【方法】千葉県木更津市にて、土壌34サンプル及び植物の葉 (スダジイ) 14サンプルを採取し、窒素源枯渇培地2種と5種の糖を炭素源とする計7種類の寒天培地に塗布した。実体顕微鏡下でコロニーを観察し、酵母状コロニーを選抜・分離した。分離した酵母菌について、26S rDNA D1/D2領域の塩基配列を決定し、分子系統解析により種の同定を行った。得られた新規 *Cryptococcus* 属酵母については常法に従い分類学的特徴を調べた。

【結果】合計249株を分離し、そのうち204株が担子菌系酵母であった。そのほとんどが *Cryptococcus* 属 (137株)、次いで *Rhodotorula* 属 (24株)、*Sporobolomyces* 属 (17株) であった。新種候補株は84%を占め、分離した多くが新規分類群である可能性が示唆された。新種候補の172株は、26S rDNA D1/D2領域に基づく系統樹から77のクレードに分かれ、そのほとんどが分離培地NDMと2% Glucose培地を用いて分離されたものだった。新規 *Cryptococcus* 属と思われる酵母は、137株中82株で35のクレードに分かれた。これら新規分類群に対し、脂質生産性と生理性状試験等を行い既知菌と比較した結果を報告する。

## Isolation and taxonomic study of Basidiomycetous yeast genus *Cryptococcus*

○Atsushi YAMAZAKI, Ken-ichiro SUZUKI, Hiroko KAWASAKI  
(National Institute of Technology and Evaluation, NITE Biological Resource Center)

**Key words** *Cryptococcus*, lipid production, isolation, taxonomy

## 2P-1008 酵母遺伝子破壊株コレクションを利用した低温増殖に必要な遺伝子の同定

○北川 孝雄<sup>1</sup>, 中尾 嘉宏<sup>2</sup>, 児玉 由紀子<sup>2</sup>, 星田 尚司<sup>1</sup>, 赤田 倫治<sup>1</sup>  
(<sup>1</sup>山口大院・医学系研究科,<sup>2</sup>サントリーホールディングス)

低温では細胞膜の流動性や細胞内の酵素活性の低下が予想され、増殖には遺伝子発現や細胞内の機能を変化させる必要がある。出芽酵母では、生育に必須でない約4800の遺伝子が破壊された酵母遺伝子破壊株コレクションが作製されている。このコレクションを利用して高圧、低温環境に必要な遺伝子が1倍体のコレクションで同定されており、低温と高圧に必要な遺伝子がオーバーラップすることが明らかとなっている (Abe and Minegishi, 2008)。私たちは2倍体のコレクションを利用して低温増殖に必要な遺伝子をYPDプレート上で10°Cでスクリーニングした。4630株をスクリーニングした結果、127の遺伝子破壊株が10°Cで増殖欠損を示すことが分かった。127遺伝子のうち、Abe and Minegishiの遺伝子は16個含まれ、従来のスクリーニング結果とは異なった遺伝子群を取得することができた。これらの遺伝子のうち、半分はrRNAやリボソームタンパクの合成や成熟に必要な遺伝子であった。低温での増殖に必要な遺伝子がバクテリアや酵母で取得され、リボソーム生合成を阻害する薬剤変異株などは低温感受性を示すことが知られている。低温環境ではリボソーム生合成が最優先される機能であることが網羅的なデータから示唆された。また、20°Cでも増殖できない遺伝子破壊株を5株 (*drs2Δ*, *cdc50Δ*, *rcy1Δ*, *rpl39Δ*, *rpe53Δ*) を同定することができた。*drs2Δ*, *cdc50Δ*, *rcy1Δ*株は、低温環境では細胞周期がG2/M期で停止をすることが分かった。

## Identification of genes required for the growth at low temperatures using yeast deletion strains collection

○Takao Kitagawa<sup>1</sup>, Yoshihiro Nakao<sup>2</sup>, Yukiko Kodama<sup>2</sup>, Hisashi Hoshida<sup>1</sup>, Rinji Akada<sup>1</sup>  
(<sup>1</sup>Yamaguchi Univ. Grad. Sch. Med.,<sup>2</sup>Suntry Holdings)

**Key words** yeast, RNA, phospholipid translocase, low temperature