

**2P-021 形質転換ジャトロファ植物体の乾燥耐性評価**

○土本草<sup>1</sup>, 万代 文子<sup>1</sup>, 湯浅 彰太<sup>1</sup>, 酒井 啓江<sup>1</sup>, 留森 寿士<sup>2</sup>, 辻 涉<sup>3</sup>, 辻本 壽<sup>2</sup>, 恒川 篤史<sup>2</sup>, カルタヘナ ジョイス<sup>1</sup>, 福井 希一<sup>1</sup>  
(<sup>1</sup>阪大院・工, <sup>2</sup>鳥取大・乾燥地研究セ, <sup>3</sup>鳥取大・農)  
kfukui@bio.eng.osaka-u.ac.jp

植物由来のバイオディーゼル燃料は、再生可能で、生産コストや環境負荷が低い、有望な石油代替エネルギー源である。ジャトロファ (*Jatropha curcas* L.) は種子にバイオディーゼル燃料の原料となる油を高含有量で含む非食用の灌木であり、乾燥に強いことから食糧生産不適地でも栽培可能な燃料作物として期待されている。しかし現状では水の供給が限られている場合の油の収量は十分ではない。そこで我々はジャトロファの乾燥耐性をさらに向上させることを目的として、シロイヌナズナのコエンザイム A 合成経路の phosphopantetheine adenyltransferase をコードする PPAT 遺伝子と転写制御因子 nuclear transcription factor Y のサブユニットをコードする NF-YB 遺伝子を、それぞれ過剰発現させた形質転換ジャトロファを作製し、それらの乾燥耐性について鳥取大学の砂漠シミュレーターを用いて評価した。その結果、それらは非形質転換体と比較して、乾燥ストレス処理後の再灌水で顕著に高い光合成速度の回復を示した。この結果は、ジャトロファの乾燥耐性の向上に形質転換体の利用が有効であることを示唆する。

**Evaluation of transgenic jatropha plants for drought tolerance**

○Suguru Tsuchimoto<sup>1</sup>, Ayako Mandai<sup>1</sup>, Shota Yuasa<sup>1</sup>, Hiroe Sakai<sup>1</sup>, Hisashi Tomemori<sup>2</sup>, Wataru Tsuji<sup>3</sup>, Hisashi Tsujimoto<sup>2</sup>, Atsushi Tsunekawa<sup>2</sup>, Joyce Cartagena<sup>1</sup>, Kiichi Fukui<sup>1</sup>  
(<sup>1</sup>Grad. Sch. Eng., Osaka Univ., <sup>2</sup>Arid Land Res. Ctr., Tottori Univ., <sup>3</sup>Dept. Agric., Tottori Univ.)

**Key words** *Jatropha curcas* L., transgenic plant, drought tolerance, biodiesel fuel

**2P-023 クロレラがコードする 2 つの鞭毛関連遺伝子はストレス条件下で発現する**

○熊谷 徳泰, 川崎 健, 藤江 誠, 山田 隆  
(広島大院・先端物質)  
tayamad@hiroshima-u.ac.jp

【目的】近年 *Chlorella variabilis* NC64A 株 (以下 NC64A) について全ゲノム解析が完了した。その結果、減数分裂関連遺伝子群、またクラミドモナスで同定された鞭毛関連遺伝子群の一部の保存が明らかとなった。これに類似する事例として、配偶子形成の際に特殊な運動性鞭毛を形成する淡水生珪藻タラシオシラ (*Thalassiosira pseudonana* 等) が知られている。この結果から従来の予想に反して、クロレラが運動性、有性生殖性を持つ可能性が示唆された。これまでに、NC64A の鞭毛関連遺伝子群 103 個について DNA マイクロアレイによる発現解析及び発現の誘導条件検討を行った結果、少なくとも 2 個について明確な発現量の変動が確認された。この 2 個の遺伝子について、最適な誘導条件を求め、他の遺伝子の発現を検討する。

【方法・結果】窒素源飢餓条件 (0.8, 1.6, 3.2, 5.2 h), 0.1 mM アブシジン酸添加条件 (0.6, 1.2, 2.4, 4.0, 8.0 h), 低温条件 (0.3, 0.6, 1.2, 2.4 h) において培養した NC64A より取得した total RNA を用いて qRT-PCR 解析を行った。ハウスキーピング遺伝子にはアクチン遺伝子を用いた。その結果、鞭毛関連タンパク質 (FAP184) をコードする遺伝子は窒素源飢餓条件において有意な発現量の変動が確認された。またヒートショックタンパク質遺伝子 (Hsp70) をコードする遺伝子は、窒素源飢餓条件、低温条件において明確な発現量の変動が見られた。現在、これら 2 個の遺伝子について、最も発現量が変動する培養時間の検討を行っている。その後、最適培養条件で培養した NC64A について、他の鞭毛関連遺伝子に変動が見られるか再度 DNA マイクロアレイ解析を行う。

**Expression analysis of genes involved in flagella-formation in *Chlorella***

○Noriyasu Kumagai, Takeru Kawasaki, Makoto Fujie, Takashi Yamada  
(Grad. Sch. Adv. Sci. Mat., Hiroshima Univ.)

**Key words** *Chlorella*, flagella, motility, sexual reproduction

**2P-022 ビフェニル資化株が有する接合型トランスポゾン *bph-sal* エLEMENTとその周辺領域の解析**

○藤原 秀彦<sup>1</sup>, 山副 敦司<sup>2</sup>, 廣瀬 遼<sup>3</sup>, 末永 光<sup>4</sup>, 木村 信忠<sup>4</sup>, 古川 謙介<sup>1</sup>  
(<sup>1</sup>別府大学・食物栄養・発酵食品, <sup>2</sup>NITE・NBRC, <sup>3</sup>宮崎大学工学部, <sup>4</sup>産総研)  
fujihara@nm.beppu-u.ac.jp

【目的】本研究室保存のビフェニル資化菌 *Pseudomonas putida* KF715 株のビフェニルおよびサリチル酸分解 (*bph-sal*) 遺伝子群は *bph-sal* エLEMENTと呼ばれる巨大なトランスポゾン上に存在しており、接合伝達により他菌株に容易に転移する。この *bph-sal* エLEMENTは他のビフェニル分解菌にも存在することが確認されているが、その構造の詳細な解析は行われておらず、*bph-sal* エLEMENTの全貌、可動化機構等については不明であった。そこで本研究では、*P. graminis* KF701 株、*P. putida* KF703 株、KF715 株のゲノム解析で得られた情報を基に、*bph-sal* エLEMENTとその周辺の構造を解析した。

【方法・結果】上記 3 菌株のゲノムドラフト解析は NITE で行われた。3 株の *bph-sal* 遺伝子群の周辺領域は、KF701 株と KF703 株の *bph* 遺伝子群上流に *integrase* が存在し、今回ゲノム解析した KF715 株には *integrase* を含む *bph* 遺伝子群が欠失し、他 2 株には見られない遺伝子群が挿入されていた。また、3 株とも *sal* 遺伝子群周辺に複数の転移に関するタンパク質が存在していた。さらに、KF701 株と KF703 株では、*bph* 遺伝子群の上流 50 kb が保存され、この領域は KF715 株の挿入配列の上流の約 156 kb の領域にも保存されていた。同様に *sal* 遺伝子群下流約 81 kb も保存されていた。以上のことから、これら 3 菌株の *bph-sal* 遺伝子群周辺は約 286 kb の領域が高く保存されていることが明らかとなった。

**The sequence analyses of the conjugative transposon, *bph-sal* element, and its peripheral regions in three biphenyl utilizing bacteria.**

○Hidehiko Fujihara<sup>1</sup>, Atsushi Yamazoe<sup>2</sup>, Jun Hirose<sup>3</sup>, Hikaru Suenaga<sup>4</sup>, Nobutada Kimura<sup>4</sup>, Kensuke Furukawa<sup>4</sup>  
(<sup>1</sup>Dept. Food Ferment., Fac. Food Nutri. Beppu Univ., <sup>2</sup>NBRC, NITE, <sup>3</sup>Fac. Eng., Univ. Miyazaki, <sup>4</sup>AIST)

**Key words** transposon, *Pseudomonas*, aromatic ring compound

**2P-024 青枯病菌に感染する T7 型ファージゲノムのダイナミックな再編成**

○小寺 星<sup>1</sup>, 藤原 亜希子<sup>2</sup>, 川崎 健<sup>1</sup>, 藤江 誠<sup>1</sup>, 山田 隆<sup>1</sup>  
(広島大院・先端・生命機能, <sup>2</sup>富山大・先端ライフサイエンス)  
tayamad@hiroshima-u.ac.jp

【背景・目的】青枯病菌 *Ralstonia solanacearum* は世界各地に分布する土壌伝染性の植物病原細菌であり、経済的に重要な農作物を含む 50 科 200 種以上の植物に青枯病を引き起こし大きな被害をもたらしている。当研究室では次世代青枯病対策としてバクテリオファージに着目し多種のファージを分離・解析してきた。本研究では新たに分離した T7 型青枯病菌ファージ (RSK1) について詳細な遺伝子解析を行い高度な特徴付けを行うとともに、青枯病菌との相互作用におけるファージゲノムのダイナミックな変化について解析することで宿主-ウイルス相互作用機構やファージの再編機構を理解する基礎情報を得ることを目的とした。

【方法・結果】パイロシーケンス解析により、RSK1 全ゲノム配列 (40,264bp) が明らかとなった。RSK1 は 51 個の ORF を含み、構造遺伝子群、溶菌酵素遺伝子群、DNA 代謝遺伝子群のモジュール構成をしていた。また RSK1 には、特徴的な新規細胞壁分解酵素遺伝子 (Lyt) や、T7 型ファージには異例のインテグラーゼ様遺伝子 (Int) が存在することが示された。さらに、RSK1 の有するその他の遺伝子の多くはデータベース上に homolog が無く新奇なものであり、多くの T7 型ファージが有する RNAP も見当たらなかった。これらの事から RSK1 は、これまでに当研究室で解析した T7 型青枯病菌ファージ (RSB1, RSB2, RSB3) の何れとも大きく異なる、複数種ファージが混成した新型ファージであると結論付けられた。現在は、末端反復配列の決定及び Lyt 酵素のクローニングを行っている。

**Dynamic genome rearrangements of T7-like phages that infect *Ralstonia solanacearum***

○Sei Kotera<sup>1</sup>, Akiko Fujiwara<sup>2</sup>, Takeru Kawasaki<sup>1</sup>, Makoto Fujie<sup>1</sup>, Takashi Yamada<sup>1</sup>  
(<sup>1</sup>Dept. Mol. Biotechnol., Grad. Sch. Adv. Sci. Mat., Hiroshima Univ., <sup>2</sup>Ctr. Adv. Life. Sci., Toyama Univ.)

**Key words** *Ralstonia solanacearum*, plant pathogen, T7-like phage