



# 生物工学研究室（藤森研究室）

## Laboratory of Biological Science & Technology

微生物が作り出す機能未知化合物やタンパク質の中からヒトの生活や環境を豊かにする生理活性物質を探索し、応用する研究や、ゲノム科学をベースに機能性タンパク質の解析・菌類ウイルスの機能解析研究を行っている。

### 微生物二次代謝化合物のスクリーニング

**菌類の分離・保存** → **抽出物調製** → **スクリーニング** → **活性化化合物の同定**

**スクリーニング例**  
α-グルコシダーゼ阻害剤  
スクリーニング例  
α-グルコシダーゼ阻害剤  
ラット腸内(α-Dグルコシダーゼ)  
無色  
黄色  
p-ニトロフェニル  
α-D-グルコース

**微生物代謝物由来阻害物質(化合物)**  
分画・精製・構造決定

LC-MS/MSやNMRなどによる構造決定と特許化

東京家政大学池田研究室との共同研究にて実施

自然界からの微生物の分離とライブラリー構築  
✓ エキス (41,063試料)

株式会社ハイファジェネシス 玉川大学

医薬品・農薬・昆虫忌避  
・環境改善・転写因子・キナーゼ阻害・その他スクリーニングを実施

東京家政大学

### ゲノム解析研究からの発展

**キノコ3種 遺伝子情報取得**  
雪国まいたけ 国内初・産学連携で  
キノコ3種 遺伝子情報取得  
雪国まいたけ 国内初・産学連携で  
キノコ3種 遺伝子情報取得  
雪国まいたけ 国内初・産学連携で

2009.4.2.読売新聞掲載記事

ラフト結合タンパク質群の発見  
糖脂質  
ホスファチジル エタノールアミン  
ホスファチジル セリン  
ホスファチジル コリン  
スフィンゴミエリン  
コレステロール  
リン酸  
脂肪酸  
アシル化修飾 タンパク質

マイタケ全遺伝子のマイクロアレイ解析  
東京家政大学・雪国まいたけ・理化学研究所

Group A  
gfr01g0814  
Group B  
gfr01g1161  
Group C  
gfr01g0023  
gfr01g1188  
gfr01g2241

### 担子菌での宿主・ベクター系開発

**担子菌用宿主ベクター系の開発**  
通常菌糸  
蛍光遺伝子導入  
担子菌（マイタケ）の分子生物学的研究用の組換え技術を確立した。すなわちマイタケ宿主に導入可能なベクター構築を行い、さらには目的遺伝子の発現抑制を行えるノックダウンベクター開発にも成功し、機能解析研究が進む。

**遺伝子ノックダウン法の開発**  
pGFght-HYD1IR  
8614 bp  
Gf.GAPDH promoter  
DraI  
ampr  
ori  
Gf.TEF3 terminator  
EGFP  
Gf.TEF3 promoter  
Gf.GAPDH terminator  
Anti-Sense  
Spacer  
Sense  
SvtI  
322 bp  
NotI  
238 bp  
SvtI  
322 bp  
Gf.HYD1 inverted repeats

東京家政大学・雪国まいたけ

### 菌類ウイルスの発見

**新規Partitivusの発見**  
GfPV1  
113 2,260 (nt)  
5' UTR RdRp 716 aa 3'  
RNA1: 2,346 nt (ds RNA) UTR

**新規Oumia-like-virusの発見**  
GfOLV  
338 2,248 (nt)  
5' UTR RdRp 636 aa 3'  
RNA: 2,487 nt (dsRNA? ssRNA+?) UTR

他に分節RNAが存在するかは不明?

RNA1: 2814bp  
ORF1  
RNA2: 1054bp  
ORF2  
RNA3: 974bp  
ORF3

ウイルス画分  
ウイルス粒子  
Gf-N2株 (GfPV1感染)  
ウイルスフリー株  
マイクロアレイ解析

東京家政大学・雪国まいたけ・岡山大学

### 研究室学生・研究員の言葉

**石橋 岬** 学部4年  
研究テーマ: 「パーティティウイルスの研究」  
中学校理科の教員を目指しています。教員として自信をもって教壇に立つために、10の知識を得て1教えられる自分づくりを研究室活動を通じ学んでいます。卒研という大きな山を越えたら自信をもって教師になれると思ひ頑張っています。

**角 真理子** 大学院修士課程1年 (理化学研究所出向)  
研究テーマ: 「脂質ラフトの構造と機能」  
研究が好きで本学科に進学し4年間学びました。さらに研究を行いたいと思い大学院へ進学し、現在は共同研究先の理化学研究所の小林脂質生物学研究室にて日々忙しく実験をしています。納得のゆく結果が出るまで粘り強く、を信念に取り組んでいます。

**小松あき子** 大学院博士課程1年・環境教育学科助教  
研究テーマ: 「マイタケに見出されたウイルスの機能解析研究」  
学生に教える立場と、学位を取得するための学生の立場の両方を行っています。実験データが着実に増えることが本当に楽しい毎日です。そんな研究の楽しさを学生さんたちと分かち合えたらと思っています。

**佐藤真之** 共同研究・研究員 (株式会社雪国まいたけ)  
研究テーマ: 「マイタケのゲノム科学的解析および子実体形成遺伝子群の機能解析研究」  
企業から出向し、藤森研究室で遺伝子・ゲノムをベースとした研究を行っています。これまでに投稿した論文をまとめ学位を取得することも目標の一つです。

### 主な就職・進学先

**教員・公務員**  
塾講師  
都内私立高校非常勤→専任教員  
埼玉県中理科教員

**大学院進学**  
北里大学大学院 (修士)  
三重大学大学院 (修士)  
横浜国立大学大学院 (修士)  
東京家政大学大学院 (修士)  
東京家政大学大学院 (博士)

**研究・開発**  
タキザワハム株式会社  
株式会社ハイファジェネシス  
花王株式会社

### 共同研究先

理化学研究所 小林脂質生物学研究室 (小林俊秀 主任研究員)

東北大学農学部 分子酵素学研究室 (内田隆史 教授)

岡山大学 資源植物科学研究所 植物・微生物相互作用グループ (近藤秀樹 准教授)

株式会社雪国まいたけ 研究開発室  
株式会社ハイファジェネシス (バイオベンチャー)

### 研究室活動

平成17年 文部科学省 私立大学教育研究高度化推進特別補助、学術研究推進特別経費 (気温上昇によるヒト転写因子の変動解析研究) 研究代表者 藤森 文啓 (東京家政大学)

平成19年 文部科学省 教育研究整備整備費補助 (食品中化学物質とヒト遺伝子のナノレベル機能的相関解析システム) 研究代表者 藤森 文啓 (東京家政大)

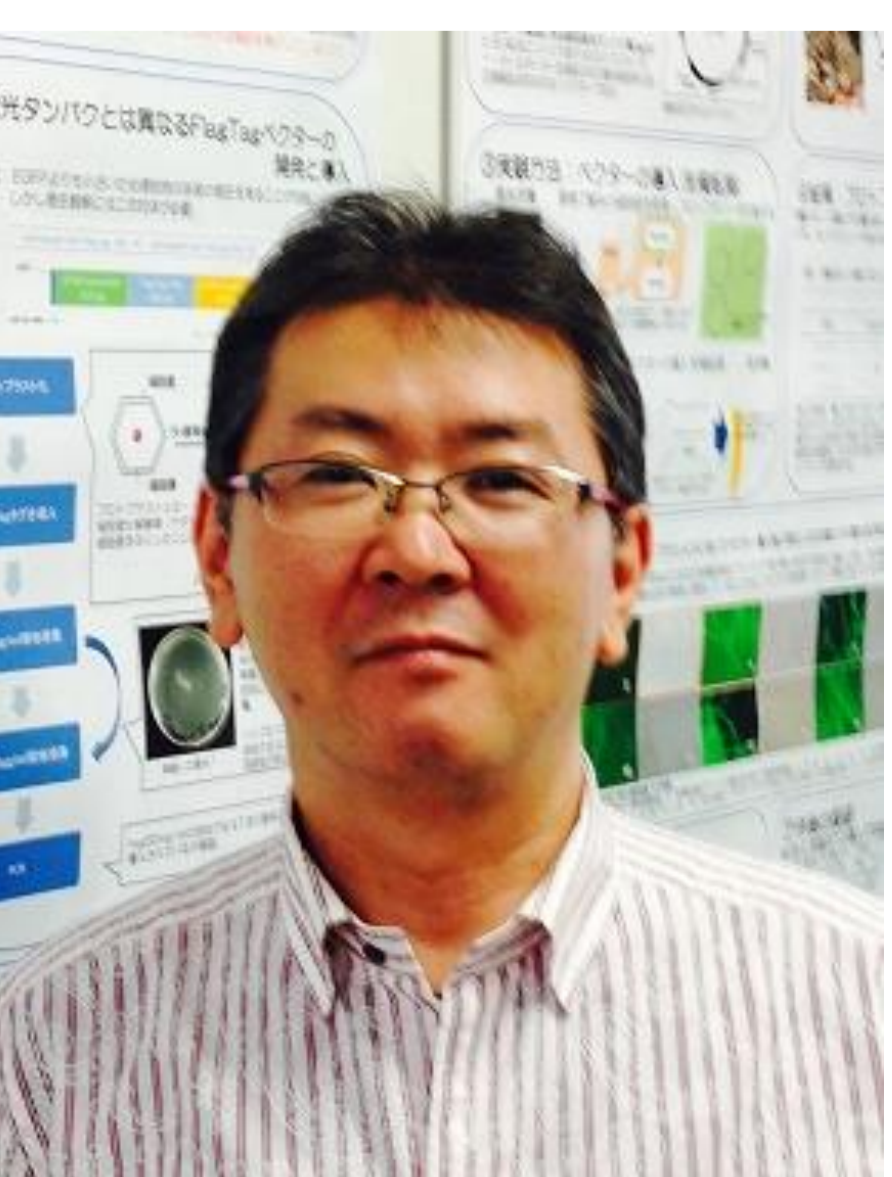
平成20年 文部科学省 大学院研究推進費 (マイタケケルカン合成酵素群の遺伝子発現解析によるマイタケの機能性解明研究) 研究代表者 藤森 文啓 (東京家政大)

平成21年 第1回食の新潟国際賞 21世紀希望賞 藤森文啓 「キノコ遺伝子データベースの波及効果」

平成26年 文部科学省 科研費 基盤 (C) 課題番号 26450234 「担子菌ウイルスの宿主に及ぼすシグナル経路の解明と子実体形成への機能解析研究」 研究代表者 藤森文啓 (東京家政大)

その他・企業共同研究費

### 藤森文啓教授の紹介



東京家政大学 家政学部 環境教育学科 生物工学研究室 教授

**学歴**  
平成2年 日本大学農獣医学部農学科卒業  
平成4年 日本大学大学院農学研究科農学専攻修士課程修了  
平成13年 東京理科大学 博士 (工学) の学位

**職歴**  
平成4年~平成10年 日本ロシユ株式会社 (現中外製薬株式会社) 鎌倉研究所 研究員  
平成10年~平成11年 理化学研究所 細胞生理学研究室 つくば分室 協力研究員  
平成11年~平成16年 東京理科大学 基礎工学部 生物工学科 助手・講師  
平成16年~平成17年 東北大学国際高等研究センター 客員助教  
平成16年より 東京家政大学 家政学部 環境情報学科 (現環境教育学科) 着任  
平成17年より 玉川大学学術研究所菌学応用研究センター 特別研究員 兼任  
バイオベンチャー株式会社ハイファジェネシス 取締役・科学技術顧問

**学会**  
日本分子生物学会  
日本農芸化学会  
日本菌学会

**講義**  
生物学 I ・細胞生物学・バイオインフォマティクス・生物工学実験 I ・ II

### 学生に伝えたいこと

人生一度きりです。やりたいことをやるがモットーですが、そこには責任と努力が必要です。「自主自律」が本学の精神です。自由を与えられた分、それに応えらる自分を作る、を目指し研究室活動を行って、社会に出て行ってもらいたいと思っています。

### 好きな言葉

「今が大切」・・・物理学者、本多光太郎博士の言葉です。

### 趣味

ギター・秋葉原電子部品街散策・音楽CD集め

### 主な著書

2010 室内環境概論 第1章2節生活科学の視点から 東京電機大学出版  
2002 バイオンフォマティクスの実際 講談社サイエンティフィック  
2000 ポストゲノム時代の実験講座 (辻本豪三, 田中利男編) pp64-72 羊土社  
1997 Fingerprinting Methods Based on Arbitrarily Primed PCR Springer