

第 221 回 バイオセミナー 講演要旨集

01. 15:20~15:50

科学的根拠に基づく気候変動対策はなぜ進まないのか？

木村 道徳 (Michinori Kimura)

所属・職位 バイオデータサイエンス学科・教授

専門分野 環境政策、環境計画、環境情報

2021 年のノーベル物理学賞を受賞した真鍋叔郎博士らが開発した気候モデルにより、人為起源による地球温暖化が指摘されてから 30 年以上が経過しました。しかし、化石燃料由来の社会・経済システムからの脱却は遅々として進まず、トランプ政権によるパリ協定からの脱退や近年の中東情勢なども相まって混迷を極めています。このような状況下ではあるものの、気候変動に関する科学的調査研究は世界的に進展しており、IPCC は第 6 次評価報告書で「気候変動に対する人間の影響は疑う余地がない」と危機感を伝えています。

ここには社会と科学の乖離が見られます。複雑な地球環境システムと社会経済システムの予測困難性に対する、従来の科学的アプローチに基づく政策形成について批判的に検証し、科学的知見に基づく政策形成 (EBPM) の限界について考えたいと思います。また、このような状況を乗り越えるために現在研究を進めている、科学的知見に基づく新たな政策形成プロセスとして、アブダクション型のモデルアプローチの枠組みを示して、その社会実装には足元の地域からの取り組みが重要であることについて、現在の取り組みをいくつか紹介します。

02. 15:50~16:20

世界と地方を見てきたからわかる、持続可能な未来への視座 ～日本人が育んだ「自然との共生」に宿る、どこか“懐かしい未来”へのヒント～

岡田 宏一 (Koichi Okada)

所属・職位 アニマルバイオサイエンス学科・准教授

専門分野 環境科学、地域創生、人材育成

不確実性が加速する現代。私たちが目指すべき「ネイチャーポジティブ」や「リジェネレーション」の答えは、実は足元の歴史と最先端の知の融合に隠されているかもしれません。

私はこれまで、国際企業や地方創生の現場で次世代リーダー育成に携わってきました。

本校での研究ミッションは、全年次がアクセスできる PBL (課題解決型学習) の導入を通じて、自ら問いを立てる「課題発見能力」を育み正解のない問いに対して、果敢に向かっていく人材を育成していくことです。また、最先端のバイオテクノロジーと地域住民の暮らしが溶け合い、地域から真に豊かな社会が芽吹くための道筋を探ります。

厳しい環境制約の中で長年、日本人が培ってきた「自然との巧みな付き合い方」を、いかに現代の教育や社会に実装していくか、テクノロジーに囲まれるだけではない、人と自然が真に響き合う【懐かしい未来】の姿を探っていきます。

03. 16:20~16:50

高齢入院患者における HDL コレステロールと短期予後

北村 弘文 (Hirofumi Kitamura)

所属・職位 フロンティアバイオサイエンス学科臨床検査学コース・助教

専門分野 臨床化学、医療統計、臨床検査学

背景：HDL-C は、疫学研究において全死亡との間に U 字型の関連を示すことが報告されている。HDL-C レベルは、敗血症、酸化ストレス、腎機能障害といった病態や、HDL 成熟に関与する分子群の遺伝的異常、さらに加齢に伴う HDL 量や組成の変化などの影響を受ける。

目的：このような HDL の複雑性を踏まえ、あえて高齢入院患者において、入院時の HDL-C レベルが 30 日以内の全死亡に対する独立した予測因子となり得るかを評価することを目的とした。

方法：単施設・後ろ向きコホート研究として、高齢入院患者 493 例を対象に解析を行った。30 日全死亡をアウトカムとし、Cox 比例ハザードモデルを用いて独立した予測因子を同定した。加えて、時間依存性 ROC 分析により HDL-C の予測性能を評価した。

結果：多変量解析の結果、低 HDL-C、低アルブミン、高クレアチニンが 30 日全死亡の独立した予測因子として同定された。また、HDL-C のカットオフレベルは、基準範囲下限より低値を示した。

結論：入院時の低 HDL-C レベルは、高齢入院患者における 30 日全死亡の独立した予測因子であり、短期予後の層別化や疾患管理における有用な指標となる可能性が示唆された。

04. 16:50~17:20

タンパク質の動きを読む：分子動力学と新しい理論的アプローチ

大森 聡 (Satoshi Omori)

所属・職位 バイオデータサイエンス学科・助教

専門分野 生物物理学

講演者はこれまでに、蛋白質構造変化の計算的予測手法を研究してきた。分子構造の詳細な時間発展データが得られる分子動力学 (MD) シミュレーション研究では、T-cell immunoglobulin and mucin domain 4 とカーボンナノチューブの相互作用に関して、提案した新規炎症誘発機構が実験的に検証された。また、陰イオン輸送体 SLC26A9 の膜外ドメインの非対称運動とイオン輸送経路開閉の関係を解明した。一方、MD は多くの計算資源・時間を要するため、大規模な構造変化の予測が難しい。この課題克服のため、現在は主鎖二面角座標系の弾性ネットワークモデル (ENM) を用いた線形応答理論 (LRT) による蛋白質構造変化予測の新技术を開発している。主鎖二面角は蛋白質構造変化の主要な自由度であるので、座標系として適している。ENM は超高速計算が可能な粗視化モデルである。LRT では蛋白質の構造変化を物理的な力やリガンド結合などの外場への応答として線形関数で予測するので計算コストが小さい。これによる機械受容蛋白質の大規模構造変化や、原子間力顕微鏡プローブの影響の予測などを紹介する。