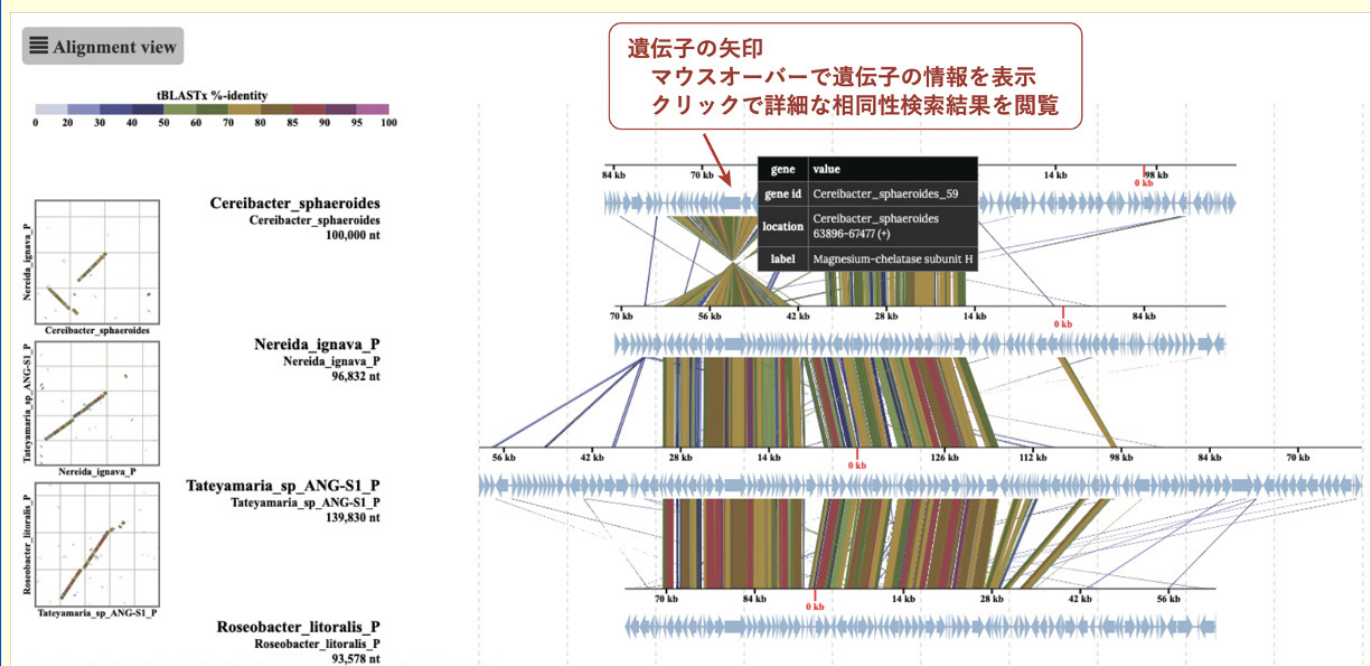


日本ゲノム微生物学会 ニュースレター

大量ゲノム時代の比較ゲノム解析ツール「DiGAlign」

西村陽介¹、山田航平²、岡寄友輔²、緒方博之²

1) 海洋研究開発機構、2) 京大・化学研究所



シンテニーマップの表示例。デザイン等の調整機能が豊富に備えられており、シンテニーマップの配色や配列の順序、位置の調整、表示される類似領域の閾値なども設定可能である。また、シンテニーマップ上の遺伝子を示す矢印にマウスオーバーすると遺伝子の情報が表示され、クリックすると詳細な相同性検索結果が閲覧できる。左側のドットプロットにより、シンテニーマップの全体像が把握できる。生成した画像はベクター形式 (SVG ファイル) でダウンロードできる。

DiGAlign は高度なシンテニーマップ表示機能により、迅速な比較ゲノム解析ができるウェブツールです。最大 300 ゲノムまでの大規模な比較ゲノム解析が可能であり、これまでのシンテニーマップ作成ツールでは不十分だった可視化機能を豊富に備えています。例えば、類似性をもとに構築されるゲノム系統樹である「ガイドツリー」上に生成されるリンクを辿ることで、類似するゲノム間のシンテニーマップを手軽に可視化できます。また、遺伝子の同定とその機能予測が行われ、事前の遺伝子解析を省略した迅速な比較ゲノム解析が可能です。さらに、シンテニーマップは様々な可視化パラメーターを備え、表示する配列の変更や順番の入れ替え、配色やレイアウトの調整も柔軟に設定可能であり、投稿論文に使用する図の作成にも適しています。

DiGAlign はこれらの高度な機能によって、仮説や事前知識なしにゲノムデータを解釈することを可能とし、大量のゲノム情報を入手可能な現代におけるゲノム解析のスピードを加速します。解析対象となる生物は原核生物・真核生物を問わず、ウイルスやプラスミド等の可動性因子の解析にも適用できます。微生物の大部分を占める未培養微生物は、「微生物ダークマター」と呼ばれその実態が解明されていません。DiGAlign はゲノム情報に基づいて、個々の微生物が持つ物質生産・エネルギー変換の潜在能力、微生物の進化、生態学的役割の解明を推進します。

公開 URL: <https://www.genome.jp/digalign/>

研究トピックス (解説記事): <https://www.kuicr.kyoto-u.ac.jp/sites/topics/240321/>

論文: Nishimura, Y.; Yamada, K.; Okazaki, Y.; Ogata, H., DiGAlign: Versatile and Interactive Visualization of Sequence Alignment for Comparative Genomics., *Microbes Environ.* (2024) DOI :10.1264/jsm.2024.02.001



◆ 表紙

大量ゲノム時代の比較ゲノム解析ツール「DiGAlign」

西村陽介¹、山田航平²、岡嵯友輔²、緒方博之
(海洋研究開発機構¹、京大・化学研究所²)

◆ 会員の研究動向

都市環境メタゲノム研究の現在

丸山史人 (広島大学)

◆ 若手の会開催報告

前田海成 (東京科学大学・総合研究院・化学生命科学研究科)

◆ 若手の会に参加して

森香穂 (東京大学大学院新領域創成科学研究科)

岩田竜馬 (東京科学大学・清華大学 大学院合同プログラム)

◆ 第 18 回細菌学若手コロッセウムの紹介

奥野未来 (久留米大学 医学部感染医学講座)

水谷雅希 (産業技術総合研究所 生物プロセス研究部門)

須田和奏 (東京農業大学 生命科学研究科)

◆ 第 19 回日本ゲノム微生物学会年会開催案内

柿澤茂行 (産業技術総合研究所)

◆ 男女共同参画委員会からのお知らせとアンケートへのご協力をお願い

相馬亜希子 (千葉大学)、森田鉄兵 (慶應義塾大学)

◆ 学会員の最新の論文紹介コーナー◆ 実験レシピ紹介コーナー

DNase I footprinting についての一考察

大坪嘉行 (東北大学大学院生命科学研究科)

◆ 閑話休題

秋の野を彩る花々

磯野克己

◆ 投稿要領 編集後記 学会の動向

微生物学分野の研究動向

都市環境メタゲノム研究の現在

丸山 史人

広島大学 IDEC 国際連携機構

1. はじめに

地球史からすると人間の出現、ましてや現代住環境（より広くは建造空間）は出現したばかりで、微生物にとっては全く新しい環境、言うなれば人工極限環境である。詳細は避けるが例えばコンクリートの内部は pH11 を超える高アルカリ環境で特異的な微生物生態系が構築されている。また、日本の伝統的な住宅の土間で、高度好塩性古細菌が大部分を占めていることが明らかになるなど (1)、予想外の発見が続いている。このような建造空間において、特に都市環境における微生物の役割が注目されている。都市環境は、人間の活動が集中的に行われるため、独特な微生物群集が形成される。その結果、都市内外での病原体の拡散、抗菌剤耐性（AMR: Antimicrobial Resistance）遺伝子の増加、新規ウイルスの出現など、様々な健康リスクが発生している (2)。メタゲノミクスを活用することで、これらの微生物群集を網羅的に解析し、都市環境における健康リスクや環境変化を評価することが可能になった。この新たな研究分野を牽引するのが、特に、“MetaSUB (Metagenomics and Metadesign of Subways and Urban Biomes)” 国際コンソーシアムで、この MetaSUB では、世界中の都市で微生物のサンプリングを行い、そのデータを活用して都市環境の微生物動態に関する研

究を行っている。本稿では 2024 年 8 月 12-15 日に東京で行われた第 8 回 MetaSUB 年会の情報を共有する (3)。本会のキーノートレクチャーは、メタゲノムパイプラインでも定評のある DOE Joint Genome Institute の Nikos C. Kyrpides 博士による “Unveiling the Global Virome: Implications for Health and Ecology” であった (図 1)。



図 1 DOE Joint Genome Institute の Nikos C. Kyrpides による基調講演

2. 都市環境におけるメタゲノミクス研究の進展

都市環境での微生物の多様性とその機能を理解するためのメタゲノミクス研究は、急速に進展している。MetaSUB 東京年会では、

都市環境における AMR 遺伝子の広がりや、病原体の伝播メカニズム、新規ウイルスの発見が中心的な議題として取り上げられた（プログラムだけではなく、デジタルポスターも web サイトには掲載されているので詳細は URL を参照されたい (3)）。

2. 1. 都市ごとのメタゲノムデータの解析

MetaSUB プロジェクトは、世界中の主要都市から収集されたメタゲノムデータを解析している。例えば、“東京、ニューヨーク、ロンドン” など、都市によって微生物群集の構成や機能は大きく異なる。これにより、都市ごとの病原体や AMR 遺伝子の分布が明確になり、都市ごとの健康リスクが評価されている。2023 年に発表された“香港の地下鉄システムでの病原体と抗菌剤耐性サーベランス”では、地下鉄駅の表面や空気中に存在する病原体が特定され、AMR 遺伝子の広がり詳細に解析されており、都市環境における微生物の持続可能な監視と管理のためのモデルケースとして評価できる。

2. 2. 新規ウイルスの発見とその影響

都市環境でも、他の環境同様に既存のデータベースに登録されていない新規ウイルスが多く発見された。この MetaSUB 年会で発表されたデータによると、都市環境で発見された DNA ウイルスのうち、“43%が新規のウイルス”であり、特に都市の観光地や港湾都市で多くのウイルスが共有されており、都市環境における人間活動がウイルスの伝播に与える影響が浮き彫りになっていた。

3. 研究の重要な焦点と技術革新

都市環境のメタゲノミクス研究では、いくつかの主要なトピックがあり、AMR 遺伝子のサーベランス、病原体の検出と追跡、新規ウイルスの発見と伝播、そして微生物群集の多様性解析が挙げられる。

3. 1. 抗菌剤耐性（AMR）遺伝子のサーベランス

都市環境では、抗菌剤の乱用や不適切な処方により、微生物が抗菌剤に対する耐性を獲得することが増加している。特に病院や公共施設では、抗菌剤耐性菌の拡散が公衆衛生上の大きなリスクとなっており、その動態をメタゲノム解析で追跡することが重要である。2021 年の MetaSUB データ、“ニューヨーク市の地下鉄システム”から収集されたメタゲノムデータから AMR 遺伝子の存在とその拡散を追跡することに成功した。この研究により、都市交通機関が AMR 遺伝子の拡散経路となることが示され、都市のインフラ管理における新たな課題が供された。

3. 2. 病原体の検出と追跡

都市環境は人々が密集するため、病原体の伝播が促進される場でもある。MetaSUB では、都市の異なる場所での病原体サンプリングを行い、メタゲノム解析を通じてその拡散メカニズムを追跡している。“COVID-19 パンデミック”状況下においては、都市の下水処理施設や公共施設から採取されたサンプルを用いて、SARS-CoV-2 の動態を追跡し、MetaSUB のメタゲノム解析をベースとしたフレームワークが都市ごとの感染リスクを評価するためのツールとしての可能性を示した。さらに“学校の下水における COVID-19 の追跡研究”では、感染者の増加に伴い、下水中のウイルス濃度が上昇することが確認され、ウイルスの監視と感染拡大防止にフレームワークの有効性を証明している。

4. オンサイト実験技術の進展

MetaSUB において、実験室外でも正確なデータを迅速に収集できるオンサイト実験技術が重要な役割を果たす。筆者らは、スーツケースサイズの実験設備を用いた現場でのサンプリング技術について MetaSUB 年会で紹介した(図2)。この技術は、現場での迅速なサンプリングと即時解析を可能にし、災害現場や都市環境

での即応性を大幅に向上させる(4, 5)。具体的な応用例としては、都市部での災害後の微生物群集の変化を調査する際、このスーツケースラボが活用され、被災地での微生物の動態を迅速に把握し、衛生管理や感染症対策に貢献することが考えられる。また、NASA との共同研究により、宇宙ステーションやクリーンルーム環境での微生物汚染の監視などが想定される。

5. 今後の展望と課題

都市環境のメタゲノミクス研究は、微生物の生態系を理解するための新しいフロンティアを切り開いている。さらなる技術革新と大規模なデータ解析により、都市ごとの微生物の役割や動態をより詳細に理解し、都市計画や公衆衛生に貢献することが期待される。また、新しいウイルスの出現や AMR 遺伝子の拡散がもたらすリスクを早期に検出し、管理するための新たな戦略が求められる。この分野の研究が進むことで、持続可能な都市環境の実現に向けた具体的な提案、政策が立案、施行されるものと考えられる。



図2 筆者による Suitcase Lab の発表

6. 結論

微生物学において、必須となったメタゲノミクスは、都市環境における微生物の多様性とその機能解明において強力なツールであり、公衆衛生や環境管理において重要な役割を果たしている。今後もこの分野の研究が進展し、都市の健康リスク管理や持続可能な都市設計に貢献することが期待される。この MetaSUB は、本領域を牽引しており、得られた知見は、未来の都市生活をより安全で豊かなものにするための重要な基盤となるもので、引き続き年会における情報収集を進めていく必要がある (図 3)。

7. おわりに

この MetaSUB 国際コンソーシアムの代表的な論文としては、Cell 誌に 2021 年に発表された世界の都市微生物多様性と影響を与える因子に関する論文が挙げられる (6)。ここに至る経緯については、iScience 誌に歴史がまとめられているので、これを参照されたい (7)。この金字塔となるべき論文の発表後も新しい情報解析ツールや、ウイルスや AMR 遺伝子の解析など、人の健康に関わる研究のためのベースとなるデータセットを提供しており、宇宙空間、自然環境への回帰といった展開も図られている。一方で、筆者らが発表したような、サンプリングからの時間などの実験方法が結果に大きく影響するという事は、大きく関心を集めており、培養についても培地といった培養条件だけではなく、サンプリングしてからの時間も重要だということをコンソーシアムのメンバーも認識していた。さらに、論文やオンラインに存在する情報だけではなく、不文律の常識については引き続き直接のやり取りで現場を知るもの同士での情報共有が重要で、これがオンラインに公開されている配列を適切に使用できるのか否かに大きく影響する。すなわち、Standard Operation Procedure (SOP) が MetaSUB を含む国際プロジェクトではほぼ必ず作成されているが、さらに頑強性の高いプロトコル、トレーニングを受けたものだけが実施するなどの対策をしていくことが必要ということの意味している (8)。ごく最近に、PNAS 誌で 2,000km 離れたところから薬剤耐性菌、病原細菌が生存した状態で到達しているという

報告がなされた (9)。少数ではあるものの MetaSUB で現在対象としているプロジェクト内には MetaAir というサブプロジェクトがあり、都市の空気微生物を研究の対象としている。MetaSUB においては、人への影響解明というところが焦点にあることから、このような "rare microbiome" についても、今後研究が期待される。すなわち、この建造空間の微生物学は、まだまだ新しい学問分野で、新しい課題をいくつも今後解決していかなければならない状況にある。このような現状をお伝えするのみにて心苦しいが、本稿が、本学会員皆様の一助となり、さらなる研究の発展に資することを強く祈念する。

8. 謝辞

本稿で紹介した筆者の研究は、広島大学 IDEC 国際連携機構プラネタリーヘルスイノベーションサイエンスセンター環境遺伝生態学研究室、ならびに南米チリ国ラフロンテラ大学生物資源科学研究所応用微生物生態学研究室において遂行されました。当該研究を遂行するにあたり、国内外の非常に多くの方々にご協力を賜りました。その全ての皆様に心より、感謝申し上げます。

引用文献

- 1) Kokubo M. et al, *Diversity*, 13:475 (2021)
- 2) Fujiyoshi, S. et al., *Front. Microbiol.*, 8:2336 (2017)
- 3) <https://metasub.org/2024-conference/>
- 4) Fujiyoshi S. et al., *Environ. Sci. Pollut. Res. Int.*, 28: 14144-14155 (2021)
- 5) Fujiyoshi S. et al., *bioRxiv*, doi: 10.1101/2021.07.14.452346 (2021)
- 6) Danko D. et al., *Cell*, 184:3376-3393 (2021)
- 7) Ryon K. et al., *iScience*, 25:104993 (2022)
- 8) Fujiyoshi S. et al., *Curr. Opin. Biotechnol.*, 80:102897 (2023)
- 9) Tanaka D. and Maruyama F. *Proc. Natl. Acad. Sci. U S A.*, 121:e2414774121 (2024)



図 3 MetaSUB 東京での全体集合写真

若手の会研究会 開催報告

世話人代表 前田 海成

東京科学大学・総合研究院・化学生命科学研究所



1. はじめに

2024 年度の若手の会は筆者を世話人代表として、ポスドク以上の黒川 真臣さん(国立遺伝研)、富永 賢人さん(東京大学)、原(和才)沙和さん(農研機構)と、学生である西野 聡さん(東京大学)、小高 優人さん(国立感染研・東京立大学)、辻 奈緒子さん(京都産業大学)、河野 恵美さん(東京立大学)という計 8 名の世話人で運営しています。筆者・黒川さん・富永さん以外の方々は昨年度の研究会以降に世話人にご参加いただきました。この体制には、男女共同参画と若手の会の活動に学生が積極的に関与しやすい環境作りの意図があります。

若手の会の活動目的は「研究分野・所属などを越えて、微生物学研究的の次世代を担う若手研究者の交流と情報交換の場であること」です。本年度は研究会に加えて新しい活動も始めましたので、それらも合わせて報告致します。

2. 第 16 回日本ゲノム微生物学会若手の会研究会

本年度の研究会は 2024 年 9 月 23 日～24 日の 2 日間にわたり愛知県豊橋市のホテルシーパレスリゾートにて開催されました。参加者は学部生 2 名、修士課程 7 名、博士課程 10 名、ポスドクおよび若手教員 7 名、社会人 2 名の計 28 名でした。

本年度は 3 つのプログラムを実施しました。招待講演では、奈良女子大学の清水隆之先生に「紅色光合成再起で切り開くレドックス応答機構」、山口大学の佐藤悠先生に「「温度」適応機構の解明とその利用～地球沸騰化後の社会を見据えて～」という演題で、研究だけでなくご自身のキャリアパスについてもお話いただきました。参加者一同にとって大変な刺激となり、懇親会の時間も含めて様々な議論がおこなわれました。「トークセッション」では参加者全員が自身の研究について発表をしました(ショートトーク 17 件、口頭発表 9 件)。Wet から Dry、基礎から応用まで、幅広い発表内容があり非常に活発な議論がおこなわれました。「ワールドカフェ」では少人数のグループに分かれて、「研究便利ツール・ノウハウあれこれ」「これからバイオインフォをしたい

人へ」「遺伝子クローニング手法」「キャリアパス相談会」といった実践的な内容から「ゲノム微生物学の未解決問題」「AI 時代のゲノム微生物学」「学問の自由」といった俯瞰的な内容まで議論をおこない、各グループの代表者が発表することで情報を共有しました。様々な立場の若い研究者が集まった会ならではの、熱意や葛藤の詰まった濃密な議論が展開されました。特に、他の若い微生物研究者が、何を知りたいと思ひ、どのようにアプローチし、どのような生活を送っているのかを知ることは大きな刺激となり、筆者を含め、皆が自身の研究を再認識し、モチベーションを高める良い機会となりました。

本年度の研究会の開催にあたり日本ゲノム微生物学会からご支援を賜りました。いただいた支援金は、原さんにご申請いただき採択された公益財団法人中辻創智社の会議開催費助成金と合わせ、学生参加者の参加費用の補助に充てさせていただきました。会員の皆様には日頃より若手の会の活動にご理解をいただいておりますことを心より御礼申し上げます。

3. 日本微生物生態学会広島大会でのシンポジウム開催

富永さん主導で、各学会・若手の会間の研究者交流を目的に上記年會において若手の会主催の出張シンポジウム「ゲノムを制するものは微生物学を制する?!」を開催しました。榎本 元先生(東京農業大学)、倉田 達明先生(理研)、秋山 光市郎先生(国立遺伝研)、尾崎 省吾先生(九州大学)という本会で活躍される 4 名の先生方にご講演いただき、約 120 名収容の会議室に満席で立ち見が出るほどの盛況ぶりでした。

4. Discord サーバー開設とオンラインセミナー

富永さんと西野さんが中心となり、オンラインツールを活用した活動を開始しました。まず、若手微生物研究者のオンラインでの交流の場を提供する目的で Discord サーバーを開設しました。こちらは昨年度開設した若手の会新 HP などから参加申請が可能です。本記事の執筆時点で参加者は 41 名です。そして、このサーバーを活用した活動の一つとして、オンラインセミナーを 10 月までに計 2 回開催しています。本 Discord の運営はまだ手探りの状態ですが、世話人を含めた参加者全員の研究活動・交流を促進するツールにしていきたいと考えています。

5. さいごに

オンラインでの活動には時間や場所の制約が少ないという明確なメリットがあります。一方で対面での活動には、互いの研究や人となりを知り深める絶好の機会になるというメリットがあり、筆者はこれがコミュニティの形成や共同研究の開始において非常に有益と考えています。若手の会では両方のメリットを活かした活動に今後も取り組んでいきます。ですが、活動の核はやはり研究会ですので、来年度の第 17 回研究会でより多くの方々とお会いできることを心から楽しみにしております。

若手の会研究会に参加して

森 香穂

東京大学大学院新領域創成科学研究科

自然環境学専攻 博士後期課程 1 年

私は今回、初めてゲノム微生物学会若手の会に参加しました。当日は私が修士課程で行っていた人工海水を用いた水族館の微生物群集構造の変化に関する研究について、話をさせていただきました。人工海水という大袈裟に聞こえるかもしれませんが、自



宅で海水魚を飼ったことのある方には身近なものなのではないかと思います。最近では、陸上養殖はもちろん、水族館でも活用が進んでおり、特に残餌や魚の排泄物に由来し、生物にとって有害なアンモニアや亜硝酸を代謝する硝化細菌に関しては盛んに研究が行われてきています。しかし、飼育生物のストレスの原因と言われている微生物群集構造の変動や、群集そのものの成り立ちの過程は不明な点が多く、私は主に群集構造と機能の変化についての研究を行ってきました。

初参加での口頭発表ということもあり、どのようなバックグラウンドの方々が参加されるのか分からず、数日前から緊張していましたが、当日の発表後は皆さんから研究に関するコメントや質問を頂き、今後の研究の展開方向を考える際の参考になりました。他の参加者の方々も同じように微生物に着目しつつも、分子的なメカニズムから食品関連、物質産生、他の生物との共生など様々な側面から異なる興味をもとに研究されていて、私自身の研究に対するモチベーションを刺激されました。また、1 日目の最後には、広い浴場でのんびりした後、豪華な食事を堪能しながら近くの方と研究やプライベートについて様々な話題で盛り上がりしました。特に懇親会では、他の学生参加者だけでなく教員の方とも研究の話や、人となりがわかるようなエピソード、出身地に関する話題など際限がなく、時間を忘れてしまうほどでした。2 日目のワールドカフェではゲノム微生物学の未解決問題と研究便利ツールのグループに参加しました。少人数での話し合いで意見が言いやすく、分からないことや気になることもその場で聞くことができ、実際に教えていただいた論文検索ツールにはすでにお世話になっています。

初めての参加でしたが、当初抱いていたイメージとは全く異なり、学生も教員も様々な方と打ち解けた雰囲気交流できる素晴らしい環境での充実した 2 日間でした。最後になりましたが、前田さんを始め研究会を企画・運営してくださった世話人の皆様、関係者の皆様に感謝申し上げます。ありがとうございました。

岩田 竜馬

東京科学大学・清華大学

大学院合同プログラム M2

この度、2024 年 9 月 23 日から 24 日にかけて豊橋のホテルシーパレスリゾートで開催されたゲノム微生物学会若手の会に参加しました。東京科学大学での私の研究テーマは「ヘム結合能を持つ超硫黄分子応答性転写因子の応答機構と生理的意義の理解」であり、今回の発表では中国の清華大学で行った研究「代謝経路の改変による 1,3-PDO と乳酸の共産生」について報告しました。このテーマを国内で発表するのは初めてで、日本ならではの新しい視点からのフィードバックをいただくことができ、大変貴重な経験となりました。

同世代の参加者たちの研究発表を聞く時間がとても楽しかったです。それらの発表を通して、自分の研究を分かりやすく伝えるスキルや独創的な研究テーマにたどり着くまでの論理的な道筋について大いに学びました。また、夕食や懇親会では、普段の研究環境や実験の工夫、さらにはキャリア選択やこれからの生命科学についてざっくばらんに意見交換が盛んに行われ、非常に充実した時間を過ごしました。こうした情報はネットや書籍では得づらいものであり、実際の研究者同士の対話を通じて生まれる新たな視点や洞察が非常に貴重だと感じました。特に、現場である個々のラボで直面する課題やその解決策についての意見交換は、今後の研究において大いに役立つと確信しています。

この会で多くの仲間と出会えたことで、自分の所属ラボに戻ってもこれまで以上に研究に取り組む意欲が湧いています。今後の研究において、この経験を活かし、さらに成長していきたいです。最後に、本研究会を企画・運営してくださった若手の会の世話人の皆様に心より感謝申し上げます。これからもこのような貴重な機会を通じて、若手研究者同士の交流を深めていきたいと思っています。



写真 (留学中の北京で撮ってもらったモノクロフィルム写真です)

第 18 回細菌学若手コロッセウムの紹介

細菌学若手コロッセウムのご紹介

奥野 未来

久留米大学 医学部 感染医学講座

ゲノム微生物学会からもホームページの「会員からの情報」で紹介させていただいたので、今回、世話人を務めた3人で第18回細菌学若手コロッセウムの様子をご紹介できればと思います。細菌学若手コロッセウム(以降、若コロ)は日本細菌学会の



支援の下で運営されている研究会で、「参加者が研究者として成長し、日本の微生物学の基礎、応用、臨床研究の発展に貢献する」ことを目的として毎年開催し、今年で18年目になるようです。今年は、大阪公立大学理学部の宮田真人教授を代表世話人としてお迎えし、2024年9月27(金)～29(日)の3日間、大阪公立大学学術情報総合センターで開催し、北海道から九州までの各地から学生30名、ポスドクおよび大学教員16名の総勢46名が参加しました。細菌だけでなく、病原真菌やバクテリオファージに関する演題もあり、アプローチも多岐に渡るため口頭発表やポスター発表の分類に苦労するような、文字通りに多様性のある集まりでした。初参加の方が大半ですが、昨年に続いて参加された方もいらして、運営に携わっている立場からすると嬉しい限りです。

プログラムとしては昨年のを踏襲し、特別講演、口頭発表、フラッシュトーク、ポスター発表、交流を兼ねた懇親会という学会形式の定型のような内容を予定していました。ところが、プログラムを考える中で「ポスターを見に行くのではなく、ポスターの方から歩いて来るとするのはどうだろう」という冗談なのか本気なのか分からない宮田代表の提案をきっかけに世話人で何度も話し合いを重ね、実現したのが「walking poster」という企画でした(詳細は水谷さんのレポートを参照ください)。私自身は自分の意思とは別のところで働く力により若コロの世話人を引き受ける形になりましたが、さまざまな分野の参加者との交流やささやかながら例年の慣習を打ち破るという挑戦をさせていただき、若手の会でしか得られない経験ができたかなと今は思っています。

若手コロッセウムの開催報告

水谷 雅希

産業技術総合研究所 生物プロセス研究部門

2024年9月27-29日に大阪公立大学学術情報総合センター(杉本キャンパス)にて第18回細菌学若手コロッセウムを開催しました。1日目は台湾から来日されたChih-Horng Kuo教授による特別講演を実施し、植物や節足動物に寄生するスピロプラズマのゲノム比



較解析に関する研究成果や10年に渡る米国への留学経験についてご発表いただきました。また、宮田代表発案の目玉企画である「walking poster」を実施しました。参加者全員が自己紹介や研究紹介を記載したA3サイズのポスターを首から下げて会場を歩き回り、出会った方と数分間でお互いのポスターを説明し合うという形式で行いました。初めての試みだったのでどうなることかと不安もありましたが、いざやってみると予想を遥かに超えた盛り上がりを見せ、事後アンケートにおいても多くの参加者から好評をいただきました。Walking posterの内容は、宮田研究室のYouTubeチャンネル(Myco Channel)にてご覧いただけます。2日目には北海道大学の北尾公英氏による特別講演を実施し、タンパク質構造解析に関する研究成果や、米国への留学経験、特に留学先の研究室の選び方についてご発表いただきました。また、3日間を通して、口頭発表18題、ポスター発表33題の一般演題講演が行われ、活発な議論がなされました。多様な分野からの研究発表があり、私自身とても勉強になりました。たくさんの素晴らしい発表があり、その中でも特に優秀な発表をされた学生の方には、2025年5月に開催される第98回日本細菌学会総会における細菌学若手コロッセウムワークショップにご招待し講演をしていただくことを予定しています。私は若手コロッセウムには今回を含めて3回参加していますが、参加者の方々の研究や発表に対する意欲が伝わってきて、細菌学の明るい未来はここにあったのか、と感じさせる雰囲気があるように思います。日本ゲノム微生物学会員の皆様にも一度ご参加いただき、この雰囲気を感じていただきたいと思います。

若手コロッセウムに参加して

須田 和奏

東京農業大学 生命科学研究科

1. 第 18 回の感想

私は、博士後期課程の2年生です。枯草菌をドナーとした接合伝達を利用した難形質転換細菌の遺伝子操作ツールを構築すること、そしてツール構築を通じ、未だ未解明な点が多いグラム陽性細菌の接合伝達機構について知ること、の2点に興味を持ち、研究をしています。

若手コロッセウムは、同世代の方々や、先輩研究者の方々と、細菌学への興味を共通項に議論・情報交換をすることができる、絶好の機会となりました。自身の研究テーマに対して多角的なフィードバックを得ることができ、今後どのように研究を展開するか、研究の面白さを伝えるにはどうすればよいのか、考えをめぐらせた3日間でした。また、参加者の皆さんとの交流や発表聴講から大いに刺激を受け、研究に対するモチベーションがさらに高まったことも、大きな収穫でした。これらの、私の心に深く残った体験は、若手コロッセウムの持ち味である、フランクで活発な



雰囲気があったからこそではないか、と振り返っています。

また、学生でありながら、世話人を務めるという貴重な経験もさせて頂くことができました。会の企画、運営について、右も左も分からず、他の世話人の方々に始終助けられっぱなしでしたが、なんとか役目を果たすことができ（たはず！）、研究室で胸を撫で下ろしています。最終日に参加者の方々が伝えてくださった、楽しかった、ありがとう、の言葉は、思い出すたびに私の心を温かくしてくれます。

2. 第 19 回若手コロッセウム開催に向けて

次回大会である、第19回若手コロッセウムは、2025年10月ごろ、札幌からほど近い酪農学園大学にて、開催を予定しております。参加して下さる皆さん一人ひとりにとって、有意義で、楽しい会にできるよう、準備を進めていく所存です。本稿をお読みくださっている、そこのあなた！第19回細菌学会若手コロッセウムにてお会いできることを、心より楽しみにしております。



第 19 回日本ゲノム微生物学会年会開催案内

日本ゲノム微生物学会 第 19 回年会を、かずさアカデミアホール（千葉県木更津市）にて開催します。日程は 2025 年 3 月 17 日（月）～ 19 日（水）です。

シンポジウムが決定しました。「王道の微生物学・分子生物学;大御所の先生の話を知りたい」と「研究と起業とのつながり;研究とベンチャーを両立させている先生の話を知りたい」と題して、とても面白そうでワクワクしています。懇親会に加え、ポスター発表時にも飲み物（アルコール類を含む）を準備し、参加者の皆様の「交流の場」を増やしたいと考えていますので、ぜひ参加や発表をご検討ください。多くの皆様にお会いできることを楽しみにしています。

産業技術総合研究所 柿澤茂行

第19回日本ゲノム微生物学会年会シンポジウム決定

**シンポジウム1 王道の微生物学・分子生物学;
大御所の先生の話を知りたい**

**シンポジウム2 研究と起業とのつながり;
研究とベンチャーを両立させている先生の話を知りたい**

イラスト引用文献 George Bain, Celtic Art, the methods of construction, Constable London,
ISBN 009461830 5. The "Tree of Life". "the Book of Kells and North England".

男女共同参画委員会からのお知らせとアンケートへのご協力をお願い

男女共同参画委員 相馬亜希子・森田鉄兵

男女共同参画委員会では会員の年会参加の促進や研究活動のサポートを目的とした取り組みを行っています。第 11 回年会（2017 年 3 月）に開設された託児サポート制度に加えて、第 19 回年会（2025 年 3 月）より介護サポート制度を開始することになりました。申請方法は年会ウェブサイトをご参照の上、不明な点がございましたら随時お問い合わせください。また、第 20 回年会においてパネルディスカッションを開催する予定です。つきましては具体的なプログラムやトピックスに関するご提案のほか、本学会の男女共同参画・キャリアサポート制度について会員の皆様からご意見を頂きたくアンケートを実施します。事務局から依頼のメールがありますのでご回答のほどどうぞよろしくお願いいたします。

学会員の最新の論文紹介コーナー

Cloning and sequencing analysis of whole *Spiroplasma* genome in yeast

Masaki Mizutani¹, Sawako Omori¹, Noriko Yamane¹, Yo Suzuki², John L. Glass², Ray-Yuan Chuang^{2,3}, Takema Fukatsu^{1,4,5}, Shigeyuki Kakizawa^{1*}

¹Bioproduction Research Institute, National Institute of Advanced Industrial Science and Technology (AIST), Tsukuba, Japan, ²Synthetic Biology Group, J. Craig Venter Institute, La Jolla, California, USA, ³Telesis Bio, San Diego, California, USA, ⁴Department of Biological Sciences, Graduate School of Science, the University of Tokyo, Tokyo, Japan, ⁵Graduate School of Life and Environmental Sciences, University of Tsukuba, Tsukuba, Japan
Front Microbiol 2024, 15:1411609.
doi: 10.3389/fmicb.2024.1411609.

スピロプラズマという細菌の全ゲノムを酵母にてクローニングし、その効率を調べました。ゲノムサイズは 1.1 Mbp、クローニング効率も高く、配列解読により変異がほとんど入っていないことが分かり、細菌ゲノムを安定的に酵母細胞内で保持することが可能となります。クローニング後の DNA は合成生物学などの用途に利用可能です。もし長鎖 DNA をクローニングする必要がありましたらご参考にしてください。

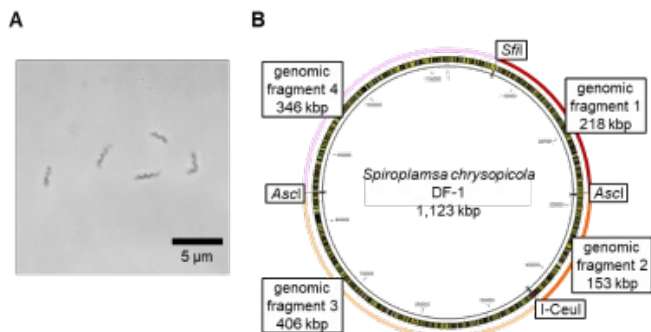


図 A：スピロプラズマの細胞（顕微鏡画像）。

図 B：スピロプラズマのゲノムマップ。丸ごと全ゲノムと、4 つに切断した断片をすべてクローニングした。ゲノムサイズが小さいほどクローニング効率が高かった。

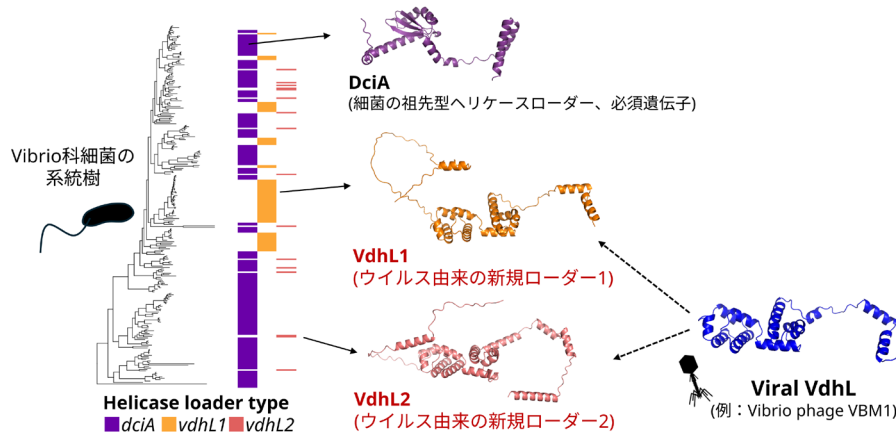
Frequent non-homologous replacement of replicative helicase loaders by viruses in *Vibrionaceae*.

Kento Tominaga^{1*}, Shogo Ozaki², Shohei Sato², Tsutomu Katayama², Yuki Nishimura¹, Kimiho Omae¹, and Wataru Iwasaki^{1*}

¹Department of Integrated Biosciences, Graduate School of Frontier Sciences, The University of Tokyo
²Department of Molecular Biology, Graduate School of Pharmaceutical Sciences, Kyushu University

Proc Natl Acad Sci U S A. 2024, 121(19): e2317954121.
doi: 10.1073/pnas.2317954121

近年、非モデル微生物のゲノム解読が急速に進んでいる。これらの非モデル微生物ゲノムからは、機能未知の遺伝子が次々と見つかる一方で、これまでモデル微生物研究から示されてきた必須遺伝子群の一部が見つからないことも多い。我々は、このような既知の必須遺伝子を持たない微生物においては、機能未知遺伝子とその機能を補完している可能性が高いと考え、このような機能補完関係にある遺伝子を比較ゲノム解析から推定するバイオインフォマティクス解析手法「対偶遺伝学」を開発した。本研究では、対偶遺伝学により、DNA 複製の開始に必須な複製ヘリケースローダーの既知遺伝子を持たない *Vibrio* 科細菌に偏在する機能未知遺伝子 *vdhL* を発見した。VdhL と既知のヘリケースローダー間におけるアミノ酸配列の類似性は低いものの、AlphaFold により予測された VdhL の立体構造は、細菌に感染するウイルス（ファージ）がもつヘリケースローダーと高い類似性を示した。さらに、VdhL がヘリケースの活性を促進するローダーとして機能することを、精製タンパク質による実験により確認した。興味深いことに、*Vibrio* 科内では細菌本来のヘリケースローダー遺伝子が *vdhL* によって合計 20 回以上も置換されていた。このような頻繁な必須遺伝子の置換は、宿主にとってウイルスのヘリケースローダーを獲得することが生存に有利であった可能性を示唆している。



Vibrio 科細菌に見つかったウイルス由来の新規ヘリケースローダー VdhL

Probe capture enrichment sequencing of *amoA* genes improves the detection of diverse ammonia-oxidizing archaeal and bacterial populations

平岡聡史¹, 伊知地稔², 武島弘彦², 熊谷洋平², 楊靜佳²,
小林陽子², 福田秀樹², 吉澤晋², 岩崎渉^{2,3}, 木暮一啓²,
塩崎拓平²

¹JAMSTEC・海洋機能利用部門, ²東大・大海研, ³東大・
院・新領域

Mol. Ecol. Resour. (2024)

<https://doi.org/10.1111/1755-0998.14042>

アンモニア酸化細菌 (AOB) やアーキア (AOA) と呼ばれる微生物は、アンモニア (NH₄⁺) を酸化して亜硝酸 (NO₂⁻) にする機能を持ち、地球上の窒素循環を理解する上で重要な生物群である。AOA/AOB の系統分類や環境分布を調べる上で、*amoA* 遺伝子がバイオマーカーとして広く利用されているが、この遺伝子は系統間での配列保存性が低く、全ての AOA/AOB をカバーする汎用 PCR プライマーの設計が困難であるという本質的な問題が存在する。一方で、*amoA* 遺伝子は環境中での存在量が低く、メタゲノム解析やメタトランスクリプトーム解析といったコミュニティ網羅的な解析手法では、現実的なシーケンス量では十分な解析が困難である。そこで本研究ではキャプチャーシーケンシング法を用いて *amoA* 遺伝子をコードする DNA ライブラリを選択的に濃縮し、シーケンスと配列データ解析を行う、一連の実験・解析手法を構築した。模擬的な微生物群集サンプルを用いて、アンプリコンシーケンシング法とショットガンシーケンシング法と比較したところ、本手法は低バイアス・高効率にアンモニア酸化微生物の群集構造を復元できることが示された。また、海洋サンプルに応用したところ、上述の一般手法と比較して、より高解像度にアンモニア酸化微生物を検出できることが示された。

Genetic and functional diversity of β -N-acetylgalactosamine-targeting glycosidases expanded by deep-sea metagenome analysis

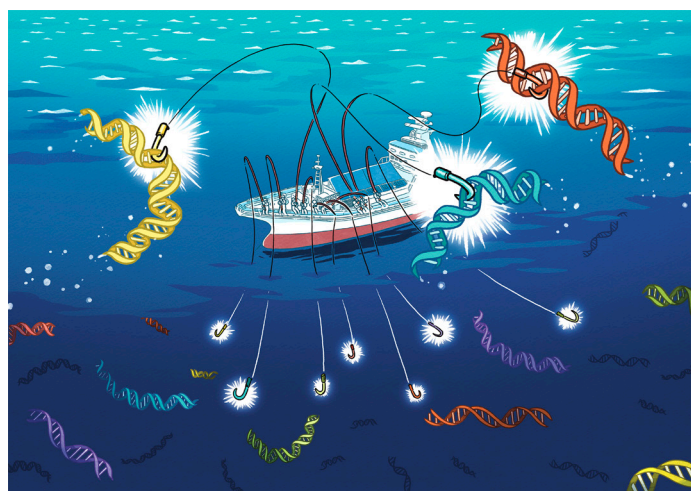
澄田智美¹, 平岡聡史¹, 白井けい子¹, 石渡明弘², 仙石徹³,
Keith A. Stubbs⁴, 田中克典^{2,5}, 出口茂¹, 伏信進矢⁶, 布浦拓郎¹

¹JAMSTEC・海洋機能利用部門, ²理研・CPR, ³横浜市大・医,
⁴西オーストラリア大, ⁵東工大・物質理工, ⁶東大・院・農

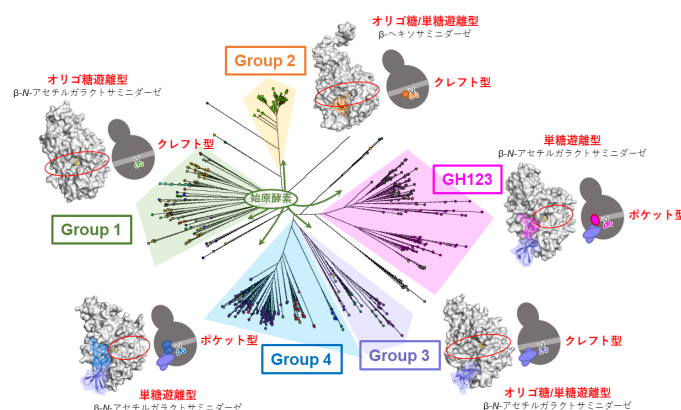
Nat. Commun. 15, 3543 (2024)

<https://doi.org/10.1038/s41467-024-47653-2>

糖鎖は複合糖質として生物に普遍的に存在し、様々な生命現象において重要な役割を果たしている。多くの生物は糖質関連酵素を用いて複合糖質を制御しているが、糖質関連酵素の探索や機能解析に関わる研究は不十分であり、酵素を介した生命現象の多くは未知である。我々は以前、糖脂質分解菌から、 β -GalNAc に作用するエキソ型酵素 (GH123 ファミリー) を発見したが、糖質関連酵素の分類データベースである CAZy では本酵素は陸上環境の宿主感染型細菌由来の配列しか登録されておらず、またエキソ型活性以外の酵素の報告もなかった。そこで、陸上環境とは大きく異なる環境である深海のメタゲノム情報を用いて、ドメイン検索による酵素探索を行ったところ、既知酵素とはアミノ酸配列や基質特異性が大きく異なる新規酵素を発見した。そこで、この新規酵素に特徴的な配列情報をもとに、公共のタンパク質ファミリーデータベースである Pfam を探索したところ、細菌・アーキア・真核生物に跨って存在する 4 つの新規酵素グループを発見した。既知の酵素も含めた 5 系統の酵素群は、系統的にかなり離れており、実験的な検証からタンパク質立体構造や基質特異性などの機能も異なることが明らかになった。



キャプチャーシーケンシング法のイメージ図



β -GalNAc に作用する酵素の系統樹、および構造と機能

実験レシピ紹介コーナー

DNase I footprinting についての一考察

大坪嘉行

東北大学大学院生命科学研究科

DNase I footprinting をご存知ですね。DNA のどこに興味のあるタンパク質が結合しているか、調べる手法です。実験原理は「タンパク質が結合している部分は、DNase I による消化を受けにくくなる」という簡単なものです。DNase I は endonuclease の一種であり DNA の内部に切れ目を入れる酵素です(つまり DNA の端から分解する、exonuclease ではない)。

2 本鎖 DNA の片側を放射性のリンや蛍光色素でラベルしておいて、DNase I によってちょっとだけ分解します。分解しすぎると、ラベルされた短い断片がたくさん生じるだけで、どこに結合していたのかわからなくなってしまいますから、適度に分解させることが重要です。

適度に分解させる方法として、考えられるのは、酵素を十分に希釈して作用させる方法です。そうすれば反応時間を振ること、適度な分解が実施可能なはず。ところが、これをやってみると、そううまくいきません。かなり短くなった断片が多数となる一方で、全く消化されていない DNA が残ってしまうのです(図)。これでは、結合部位をうまく決めることができません。

この観察結果は、DNase I が DNA に取りついて切れ目を入れたら、続けて同じ DNA 分子内に次の切れ目を入れたことによると解釈できます。切れ目を入れたのち、DNA に結合したままとなつて次の切れ目を入れるのか、あるいはいったん離れた後で同じ DNA に再度結合して反応するのかもしれませんが。いずれにせよ DNase I による 1 回 1 回の切断反応が独立していないと考えれば、この観察結果を説明できます。

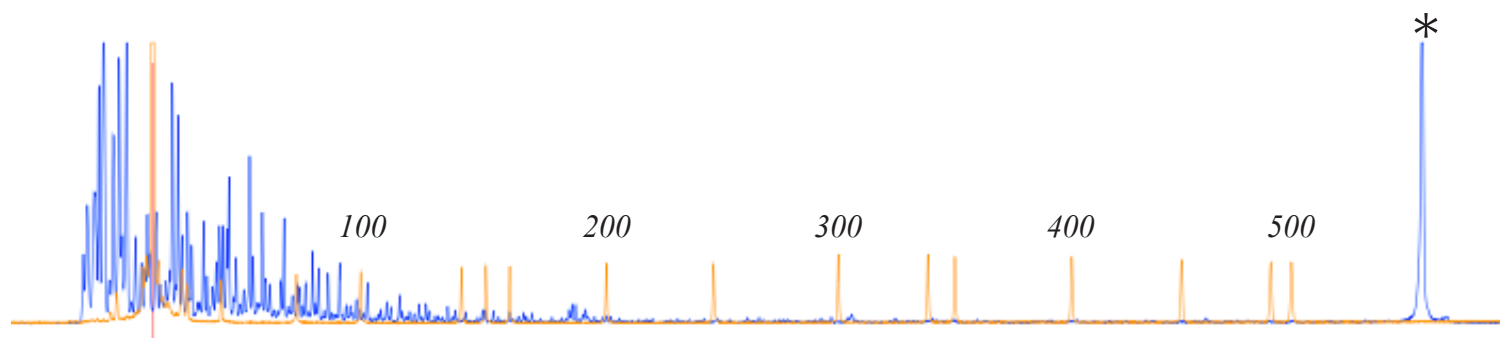
たとえば、こんなところでしょうか？うどんの乾麺が袋に入っていて、一本ずつランダムに取り出して、好きなところで 1 回だけ折って袋に戻します。この動作を繰り返せば、袋の中の乾麺は全体として徐々に短くなっていくはず。一方、一本

ずつランダムに取り出して、何度も折ってバラバラにして袋に戻したら、どのタイミングで袋の中を見ても、短いものは短いけれども、長いものは最初の長さのままということになります。

これは DNase I を十分に希釈したことによって起こることです。酵素が DNA に比べて十分量あるようにした上で、温度を下げるなどして反応を抑えることが一つの解決方法として考えられます。あるいは、元々のプロトコールを見ると、ラベルしていない DNA(サケ精子 DNA など)を加えることが一般的です。DNA 濃度を増しておけば、切れ目を入れた後の DNase I が別の DNA 分子に出会って結合するチャンスが増え、切断反応をより独立したものにすることができると考えられます。

サケ精子 DNA を加える理由としては「過剰な DNA 分解を抑えるため」(あるいは、非特異的結合を抑えるため)と理解されていると思いますが、この理解が正しいなら、「DNase I を希釈すれば過剰な分解を抑えることができるはず」ということになります。でも実際はうまくいきませんでした。この理解には少々修正が必要であり、「DNase I が一つの DNA 分子に繰り返し切れ目を入れることを抑えるため」という理解が、より正しいのだろうなと思いました。

なおこの記事の内容に関しては、十分な先行研究調査もデータ取得も行っていない。一考察にすぎないものとしてご理解いただけますと幸いです。またシーケンサーを用いると、従来、変性ポリアクリルアミドゲル電気泳動でやっていたような解析が楽にできますのでおすすめです。キャピラリーごとに泳動の進み具合が少しずつ異なりますが、サンプルにサイズマーカーを混ぜておき(図では LIZ500 スタンダード)、泳動データを補正して解析することができます(弊ソフト [TraceViewer](#) でできます)。



片側が FAM でラベルされた DNA を PCR で調製し、希釈した DNase I で処理した時のデータ。* は分解していない DNA。キャピラリーシーケンサーで得られたデータを [TraceViewer](#) で解析したもの。オレンジ色は LIZ500 スタンダード(データは岸田康平博士より提供していただきました)。

閑話休題 - その19 -

秋の野を彩る花々

今年の7月末、私が世話役をしている「自然を愛でる会」の面々と共に乗鞍岳に登りました（ただしバスです）。悪天候に悩まされて二度登る羽目になり、二日目に何とか山頂を歩くことができたのですが、今年は花の季節が半月以上進んでおり、コマクサをはじめ多くの花々が最盛期を過ぎていました。乗鞍で出会った花々と身近な花々の秋の彩りをお楽しみください。（磯野克己）



オンタデ（タデ科） *Aconogonon weyrichii* H.Hara var. *alpinum* H.Hara, 2024.7.31 長野県・乗鞍岳



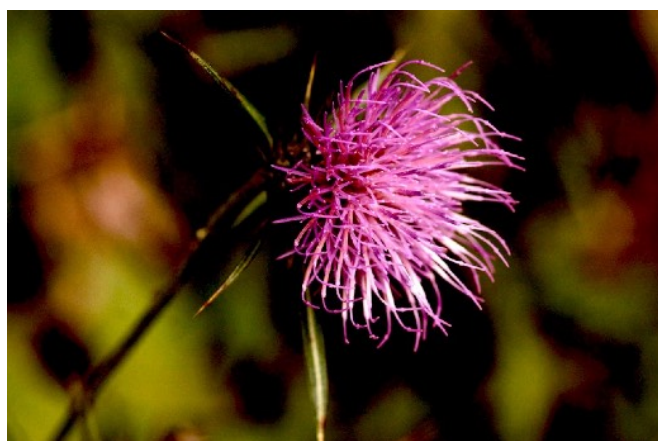
イヌコウジュ（シソ科） *Mosla scabra* C. Y. Wu et H. W. Li, 2024.10.14 神戸市・あいな里山公園



【左】ヤナギラン（アカバナ科） *Chamerion angustifolium* Holub, 2024.7.29 長野県・すずらん高原



【右】アキノタムラソウ（シソ科） *Salvia japonica* Thunb., 2024.10.14 神戸市・あいな里山公園



トネアザミ（キク科） *Cirsium nipponicum* var. *incomptum*, 2024.10.27 神戸市



コバンソウ（イネ科） *Briza maxima* L., 2024.6.13 神戸市

投稿要領

【掲載費】

・本ニュースレター誌への掲載費は無料です。

【投稿方法】

・会員の方は、編集委員宛に電子メールにて投稿をお願いいたします。

【原稿依頼】

・編集委員は、会員に対して原稿の投稿を依頼することがあります。

【原稿の扱い】

・原稿は、ゲノム微生物学研究分野で十分な研究歴を有する編集委員によって、掲載可否が判断されます。

・掲載可否の判断において、著者にコメントあるいは質問がなされることがあります。

・原稿は、編集委員によって字句修正が施された後、著者による確認が行われます。

【原稿の形式など】

・原稿は、レイアウト調整をしない形式で投稿してください。つまり、パラグラフの先頭にスペースを入れたり、パラグラフ間に改行を入れたり、図表やキャプションをワードファイルの本文に入れ込んだり、空白文字を使ってレイアウトを整えたり、タイトルを中央揃えしたり、しないでください。

・図表の作成においては、ハーフカラムサイズか、ダブルカラムサイズか、意識していただけると助かります。

・原稿の分量については、過去の記事を参考にしてください。

【実験レシピ紹介コーナー】

会員の皆様からの寄稿を受け付けています。特に新規性などは問いませんので、便利な技術やノウハウなどをお願いします。

どうでしょうか？学生は「何がどのようにすごいと思うか」について答えを探すうちに、発明や発見の経緯や社会的インパクトに思いをめぐらせることとなり、「自分もいつかすごい発明や発見をしたい」というように意欲の芽生えにつながるはずです。これが冒頭の提案の狙いです。

受験生に、試験などでいきなり「推し研」を聞いても、オタオタするだけで良い効果は得られないでしょうから、出題予告することが重要と思います。ぜひ、教員の皆様や企業の採用担当者の皆様におかれましては、「推し研を問う」ことを公言して頂ければと思います。それによって「大学では発明あるいは発見をしようとしている」ことが理解されるようになるはずですし、もっとうまくいって、入学・入社してくる人材がアチーブメントモデルを持つようになり、意欲が増せば儲けものではないでしょうか？

「推し研」については、JST イベント「サイエンスアゴラ」で日本科学振興協会 (JAAS) より提案させていただくなどしており、引き続き、推進を図っていく予定です。皆様も趣旨をご理解の上、ご賛同、お広めにご協力いただけますと幸いです。なお、さし絵は推し研推進マスコットキャラクターの「おし犬のおっしー君」です。よろしくね！



「知識や技術を、人類史の物語 (科学史) の中で扱うべき」ということは、拙著「[大学で学べる科学的素養](#)」でも主張したところです。これから学位論文、学位審査の季節をむかえますが、まだの方は読みいただけますと幸いです (大坪嘉行)。

学会の動向

2024年度日本ゲノム微生物学会役員

会長：大島 拓

庶務幹事：渡辺 智

会計幹事：尾崎 省吾

集会幹事：柿澤 茂行、石川 周、布浦 拓郎、森 宙史

広報幹事：宮腰 昌利、森 宙史

ニュースレター幹事：

佐藤 勉、相馬 亜希子、大坪 嘉行、佐々木 裕子、広瀬 侑、藤吉 奏

男女共同参画幹事：相馬 亜希子、森田 鉄兵

評議員 (会長推薦を含む)：朝井 計、市川 夏子、岩崎 渉、梅谷 実樹、大西 康夫、小椋 義俊、黒川 顕、河野 暢明、塩見 大輔、末次 正幸、永田 裕二、成川 礼、野尻 秀昭、本郷 裕一、松尾 芳隆、水口 千穂、吉田 健一

会計監査：阿部 貴志、馬場 知哉

会員の動向

一般会員 324 名、学生会員 144 名、名誉会員 3 名

賛助会員 7 名、機関会員 1 名 (計 479 名)

編集後記

お待たせいたしました。ニュースレター 30 号をお届けします。編集後記と言うことで、思うところを書かせていただければと思います。

入試や就職活動の面接などで「推し研 (おしけん)」を出題することを提案しています。「推し研」とは、あなたが感銘を受けた、あるいは、すごいなと感心した発明や発見のことを指します。

「推し研」は、自分もいつかこんな発明や発見ができればいいな、というアチーブメントモデル (達成モデル) とも言えます。

この提案の背景にはいろいろあるのですが、第一にある期待は学生の意欲向上を図ることです。「学生は卒業さえできればいいと思っている」「やる気がない」という愚痴を大学教員からよく聞きます。研究力低下が言われて久しいですが、学生の低い研究意欲が、研究力向上の大きなボトルネックであることに関して、異論のある教員は少ないのではないのでしょうか。

現在の初等中等教育の教科書を見てみると、効率良く知識や技術を教えることに特化しており、発見や発明の歴史的経緯や、これらがどのように人類の福祉に貢献したかについては、記載があったとしてもサブテーマにすぎず、ほとんど扱われていません。これでは、「自分もいつか発見や発明をしたい」という本質的な研究意欲が養われるとは到底、思えません。

もし試験などで「推し研」がよく問われるようになれば