

日本ゲノム微生物学会 ニュースレター

翻訳を妨げるアミノ酸配列に対する細菌プロテオームの進化的適応 藤原圭吾^{1,2,3}、辻奈緒子¹、崎山歌恋¹、仁木宏典²、千葉志信¹

1) 京都産業大 2) 国立遺伝学研究所、3) JST さきがけ

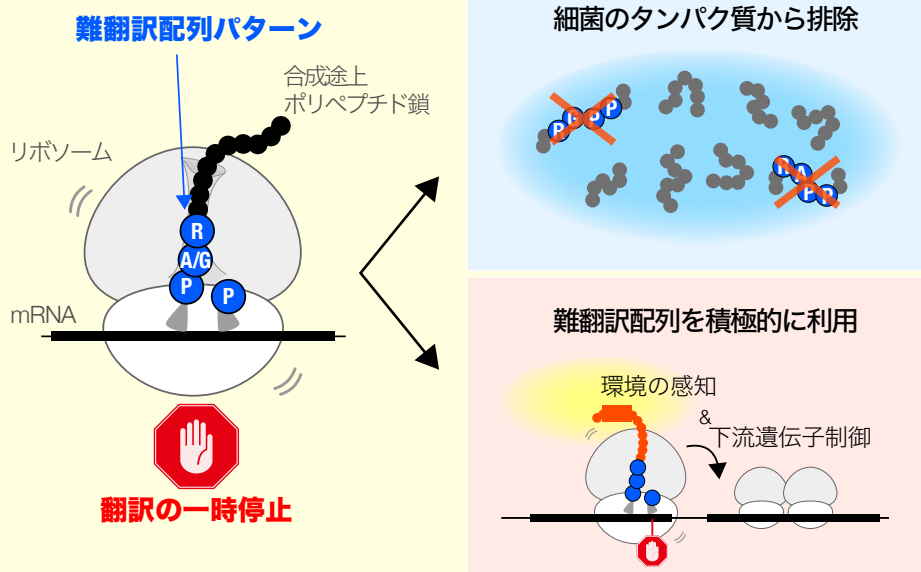


図 1： 難翻訳配列になりやすい RAPP/RGPP モチーフは、多くの細菌プロテオームで著しく低頻度である一方、一部では機能性新生鎖として利用されていた。本研究では、翻訳停止を引き起こしやすい配列が「進化的制約」と「遺伝子制御」の両面を持つことを示した。

細菌の「機能性新生鎖（翻訳アレストペプチド）」は、翻訳中のリボソームを一時停止させるペプチドであり、タンパク質局在化や代謝状態をモニターして遺伝子発現を制御する。細菌における代表例として、大腸菌 SecM や TnaC、枯草菌 MifM が知られている。近年では、ゲノム解析の進展により、機能性新生鎖が多様な細菌に広く存在する可能性が明らかになってきた (Fujiwara et al., *Nat. Commun.* 2024)。

本研究では、RAPP (Arg-Ala-Pro-Pro) や RGPP といった短い配列が、細菌で特に強力な翻訳停止を引き起こしやすいことを示した。これらの配列は、既知の機能性新生鎖である SecM や ApdA、ApdP と共通した機構で (Morici et al., *Nat. Commun.* 2024; Gesterur et al., *Nat. Commun.* 2024)、多様な配列文脈でも強い一時停止を誘導できると考えられる。

興味深いことに、約 5 万の細菌ゲノム由来プロテオームを対象とした大規模解析の結果、RGPP や RAPP は細菌プロテオーム全体で著しく低頻度であることが分かった。これは、翻訳を阻害する配列が、通常タンパク質合成にとって有害であるため、進化的に排除されてきた可能性を示唆している。

一方で、そのような“危険な配列”はただ排除されただけではない。RAPP/RGPP 配列は、短い分泌タンパク質や膜タンパク質の C 末端近傍に偏って存在しており、金属応答や酸化還元制御など、多様な機能遺伝子の発現制御に利用されている可能性が示唆された。

本研究は、「翻訳を妨げる配列」がタンパク質進化における制約である一方で、その制約自体が遺伝子制御へと転用されてきたことを示しており、機能性新生鎖研究に新たな視点を与える成果といえる。

Fujiwara K, Tsuji N, Sakiyama K, Niki H, and Chiba S, Evolutionary adaptation of bacterial proteomes to translation-impeding sequences. *EMBO J.* 45(6) 1957-79, (2026)



◆ 表紙

[翻訳を妨げるアミノ酸配列に対する細菌プロテオームの進化的適応](#)

藤原圭吾^{1,2,3}、辻奈緒子¹、崎山歌恋¹、仁木宏典²、千葉志信¹

1) 京都産業大 2) 国立遺伝学研究所 3) JST さきがけ

◆ 微生物学分野の研究動向

[RNAのつながりから微生物の生き様を理解する](#)

宮腰昌利 (筑波大学医学医療系)

◆ 研究奨励賞受賞研究

[シアノバクテリアとある研究者の環境順化](#)

広瀬 侑 (豊橋技術科学大学 応用化学・生命工学系)

◆ 若手賞受賞研究

[予測不能な研究人生を楽しみたい](#)

今野 直輝 (スタンフォード大学医学系研究科 / 東京大学大学院理学系研究科)

[可動性因子による細菌ゲノム構造の進化に関する実験研究](#)

金井 雄樹 (東京大学 先進科学研究機構 特任助教 / JST さきがけ研究者)

◆ 第20回日本ゲノム微生物学会年会開催報告

[布浦 拓郎 \(海洋研究開発機構\)](#)

◆ 第21回日本ゲノム微生物学会年会開催案内

[年会長 石川 周 \(神戸大学\)](#)

◆ 第20回日本ゲノム微生物学会年会シンポジウム

[「ゲノム微生物学会・そして日本の微生物研究の今後を考える」](#)

布浦拓郎、大島拓、シンポジスト一同

◆ 最優秀ポスター賞受賞研究

[高槻 春華 \(東京大学 大学院総合文化研究科\)](#)

◆ ポスター賞受賞研究

[西野 聡 \(東大院・新領域\)、吉田光貴 \(明治大院・農\)、明尾 結菜 \(明治大院・農\)、大宮 なつみ \(東農大院\)、立入 玲奈 \(東農大\)、越智 健 \(早大院\)、高 欣欣 \(慶應大院\)、土屋 地郎 \(北大院・水産\)](#)

◆ 若手の会・第18回研究会の案内

[世話人代表 富永賢人 \(東京大学 大学院新領域創成科学研究科 自然環境学専攻\)](#)

◆ Journal of General and Applied Microbiology (JGAM) 雑誌の紹介と連携のお願い

[田中 寛 \(JGAM 編集委員長、東京科学大\)](#)

◆ DNA Research 誌のご紹介

[田畑哲之 \(DNA Research 編集長 かずさ DNA 研究所\)](#)

◆ 学会員の最新の論文紹介コーナー

[◆ 投稿要領 ◆ 編集後記 ◆ 学会の動向](#)



会員の研究動向

RNA のつながりからゲノムを読み解く

宮腰 昌利

筑波大学医学医療系

はじめに

RNAは遺伝情報の橋渡しをするだけでなく、分子間相互作用により多様な機能を発現する。基本的にトランスクリプトームはゲノムを写し取ったものであり、ゲノムから非転写領域を除いた一部分であるとみなされる。しかしながら、細胞は時空間的に変動するパラメーターに依存して、転写開始点および転写終結点を移動させながら、転写産物の定常状態の総量を変化させるため、トランスクリプトームはゲノムよりも高次元の情報であると言える。その上、RNA-seq法を応用することによってRNA-RNA分子間相互作用を網羅的に解読することが可能となり、ゲノム上の異なる位置から転写されるRNA同士がさらに高次のネットワークを形成していることが近年明らかになってきた(1)。

mRNAに結合するsmall RNAの作用機作

一般的に一次転写物として発現する小さなRNAがsmall RNA (sRNA) と呼ばれており、これまで特にHfqなどのRNAシャペ

ロンを介してmRNAと塩基対を形成し、タンパク質の発現を転写後レベルで制御するsRNAについて詳細に研究されてきた。原核生物では転写と翻訳が共役するため、sRNAは主にmRNAの5'UTRもしくはCDSに結合する。その結果として、sRNAは翻訳開始もしくはmRNA安定性を負にも正にも制御する(図1)。しかしながら、全てのsRNA-mRNA塩基対形成がタンパク質量の変化に至るわけではないことが最近明らかになってきた。

ある特定のストレスに応答して発現するsRNAは翻訳とは関係なく標的mRNAの安定性を変化させるため、sRNAを一過的に発現させたときに有意に定常状態量が変化したmRNAをsRNAのレギュロンとして同定することができる。しかしながら、高頻度でsRNA-mRNA塩基対形成が実験的に検出される場合であっても、定常状態量に変化がないmRNAが存在する。最近、sRNAがmRNAのCDSに結合すると、タンパク質の発現量の変化を伴わずにフォールディングを変化させる例が報告された

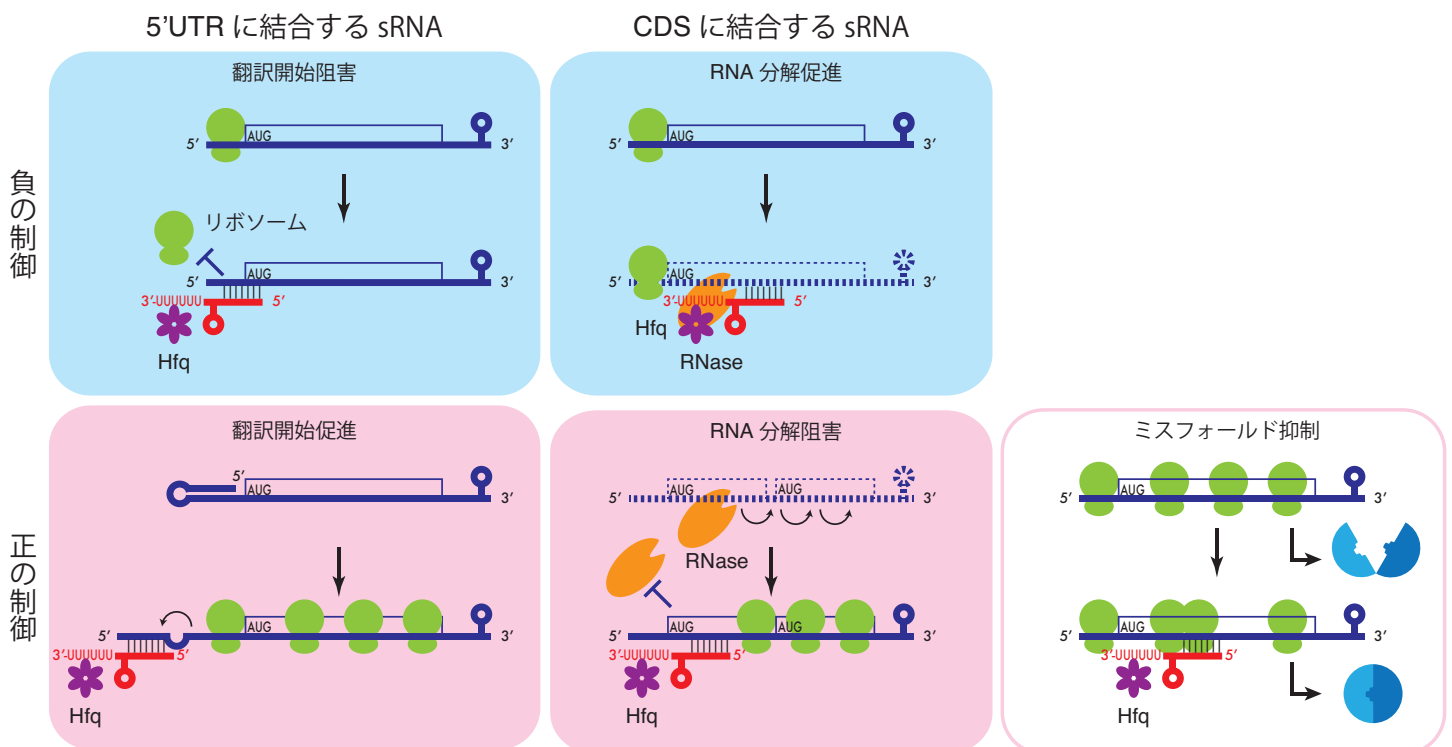


図1 細菌におけるsRNAによる転写後調節の概要。sRNA(赤)はmRNA(青)の5'UTRもしくはCDSに結合してリボソーム(緑)と競合、もしくはmRNAの分解を促進して負に制御する。正の制御ではsRNAが翻訳阻害構造を解除する、もしくはRNaseによる分解を阻止する。最近、sRNAが翻訳速度を遅延させてタンパク質のフォールディングを促進することが報告された。

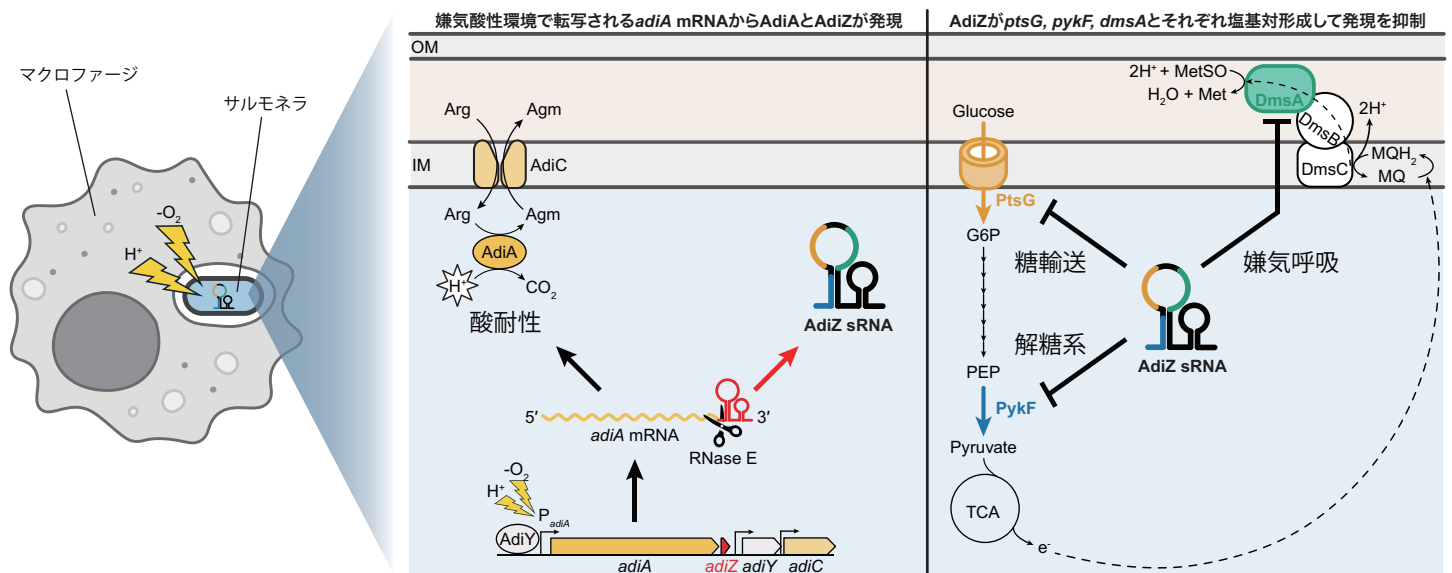


図2 マクロファージ内のサルモネラ含有小胞は pH 5 程度の酸性であり、サルモネラはアルギニン脱炭酸酵素 AdiA により生成されるアグマチンを排出することで細胞内部を中性に保ち、酸性環境に適応する。adiA mRNA は AdiA を翻訳すると同時に、RNase E によるプロセッシングを経て、3'UTR から AdiZ small RNA を発現する。AdiZ はそれぞれ解糖系、糖輸送、嫌気呼吸に関与する *pykF*、*ptsG*、*dmsA* の mRNA との塩基対形成を介して発現を抑制し、マクロファージ内におけるサルモネラの代謝を再構成する。

(3)。ArcZ は最も多くの標的 mRNA を持つ sRNA の一つであるが、DNA ライゲースをコードする *ligA* やグルタミン- N^5 メチル基転移酵素をコードする *hemK* の CDS に結合すると、翻訳速度を低下させミスフォールドを阻止して酵素活性を向上させることが示された (図 1)。今後、まだ他にも sRNA による新しい制御様式が発見されることが期待される。

in vivo の RNA-RNA 分子間相互作用の解読

これまで RNA-RNA 分子間の塩基対形成を *in silico* で予測するプログラムが数多く開発されてきた。しかしながら、sRNA は少なくとも 6 塩基対で mRNA に作用しうること、多くの場合に wobble (G-U) 塩基対を含み不連続であることなどから、実際に生理学的に意味のある RNA-RNA 塩基対形成を見出すのは困難であった。そこで、RNA-RNA 相互作用を網羅的に解読する方法として、RIL-seq (RNA interaction by ligation and sequencing) 法が開発され (3)、その後 iRIL-seq (intracellular RIL-seq) 法へと発展した (4)。前者では、細胞内で UV クロスリンクを行い、細胞破碎、共免疫沈降によって Hfq に結合する全ての RNA を抽出し、RNA 断片をトリミングした後、RNA ライゲーションによって近接する 2 種類の RNA 分子を連結させる。後者では、細胞内で RNA ライゲーションを発現させた後で細胞を破碎し、Hfq との共免疫沈降によって RNA を取得する。両者ともに、例えば Chimeric Fragments のようなパイプラインによって RNA の全てのリードの中からキメラ RNA を抽出する (5)。後者では、UV クロスリンクと RNA トリミングを省略して簡便化され、さらに前者の解析で見られた共免疫沈降の後に RNA ライゲーションされることで生じる過剰な sRNA-sRNA ペアを減少させることが可能となった。

RNA-RNA 相互作用解析によって見出される遺伝子機能

微生物が潜在的に持つ広大な RNA ネットワークの全貌を明らかにするには、できるだけ多くの環境条件で RNA-RNA 分子間相互作用を解読しなければならない。その一例として、我々は食中毒原因菌であるサルモネラが感染経路で経験する酸性かつ嫌気環境でどのような RNA ネットワークを構築しているかを iRIL-seq 解析によって明らかにした (6)。

サルモネラが持つ酸耐性システムの一つであるアルギニン脱炭酸酵素 AdiA は酸性かつ嫌気環境で誘導されることが知られている。一般的な sRNA 発現様式とは異なり、*adiA* mRNA は、RNase E によるプロセッシングを経て 3'UTR から AdiZ sRNA を生成する。AdiZ は複数の mRNA と相互作用していることが示され、それぞれ解糖系、糖輸送、嫌気呼吸に関与する *pykF*、*ptsG*、*dmsA* mRNA と塩基対を形成し、結果的に翻訳を抑制することが明らかになった。では、*adiA* mRNA の 3'UTR がこれらの mRNA と相補的な塩基配列を持つ生理学的な意味は何であろうか？

通性細胞内寄生性であるサルモネラはマクロファージに貪食されると pH 5 の小胞を形成する。サルモネラがマクロファージで産生される活性酸素種を回避するのに嫌気呼吸や代謝リプログラミングが関与することが報告されていた。したがって、AdiZ による転写後調節はマクロファージ内での生存に重要であることが示唆された。我々は、実際に *adiA* 遺伝子がマクロファージ内で転写されることを確認し、AdiZ の塩基対形成領域を変異させるとマクロファージ内での生存性が低下することを示した。以上の結果から、*adiA* mRNA が AdiA を翻訳してサルモネラに酸耐性を付与すると同時に、その 3'UTR から生成する AdiZ が *pykF*、*ptsG*、*dmsA* の発現を調節することで、マクロファージ内の環境にサルモネラが適応したと考えられる。

今後の展望

以上のように、ある特定の環境における sRNA と mRNA とのつながりから、微生物の巧妙な生存戦略が見えてきた。これはただ一例に過ぎず、細胞内には数千、数万の RNA-RNA 分子間相互作用がある。既知の sRNA のレギュロンの中に機能未知遺伝子が含まれていれば、その遺伝子がコードするタンパク質の機能が見えてくることもある (7)。一方で、これまで詳細に研究されてきた大腸菌やサルモネラでさえ、未だに多くの sRNA が機能解析されていないのが現状であるが、RNA-RNA 相互作用が明らかになれば機能解析は容易になる。今後は、より多様な微生物種、より多くの培養条件で RNA-RNA 相互作用解析を行い、大規模なデータから新しい微生物の生き様を垣間見ることができると期待している。

引用文献

- Dove SL, Melamed S. (2026) mGem: Horses for courses in mapping bacterial small RNA interaction networks. *mBio* 17:e03082-25.
- Thongdee N, Alaniz MM, Samatova E, Zhong A, Esnault C, Zhang H, Dale RK, Rodnina MV, Storz G. (2025) Modulation of protein activity by small RNA base pairing internal to coding sequences. *Mol. Cell* 85:1824-1837.e7.
- Melamed S, Peer A, Faigenbaum-Romm R, Gatt YE, Reiss N, Bar A, Altuvia Y, Argaman L, Margalit H. (2016) Global mapping of small RNA-target interactions in bacteria. *Mol. Cell* 63:884-897.
- Liu F, Chen Z, Zhang S, Wu K, Bei C, Wang C, Chao Y. (2023) *In vivo* RNA interactome profiling reveals 3'UTR-processed small RNA targeting a central regulatory hub. *Nat. Commun.* 14:8106.
- Siemers M, Lippegau A, Papenfort K. (2024) ChimericFragments: computation, analysis and visualization of global RNA networks. *NAR Genomics and Bioinformatics*, 6:lqae035.
- Kanda T, Liu F, Kooshapour H, Reichardt S, Wang M, Icyishaka P, Obana N, Westermann AJ, Chao Y, Miyakoshi M. (2025) 3'UTR-derived small RNA couples acid resistance to metabolic reprogramming of *Salmonella* within macrophages. *Nucleic Acids Res.* 53:gkaf1371.
- Papenfort K, Sun Y, Miyakoshi M, Vanderpool CK, Vogel J. (2013) Small RNA-mediated activation of sugar phosphatase mRNA regulates glucose homeostasis. *Cell* 153:426-37.

研究奨励賞受賞研究

シアノバクテリアとある研究者の環境順化

広瀬 侑 准教授

豊橋技術科学大学 大学院工学研究科 応用化学・生命工学系

この度はゲノム微生物学会奨励賞を頂き、誠にありがとうございました。これまでに本研究に関わってくださった多くの先生および学生の皆様、審査員の先生方の皆様には、この場をお借りして厚く御礼申し上げます。私は、これまでシアノバクテリアの光色応答の分子機構の解析に取り組んできました。ここでは、その研究内容の概要を簡単に説明させていただき、私がどのような環境で研究に取り組んできたのか、お世話になった先生方を含め、その背景をご紹介できればと考えております。

1. 補色順化を制御する光受容体

シアノバクテリアは酸素発生型の光合成を行う原核生物であり、フィコビリソームというタンパク質複合体を用いて、光エネルギーを集めています。一部のシアノバクテリアは、フィコビリソームの色素タンパク質として、赤色光を吸収するフィコシアニンと、緑色光を吸収するフィコエリスリンを持っています。フィコシアニンはソーダ味のアイスキャンディーの着色料として使用され、フィコエリスリンは赤ノリの赤い色素の主成分ですので、どちらも私たちの身の回りに存在する身近なタンパク質です。シアノバクテリアの一部は、赤色光が豊富な環境ではフィコシアニンを蓄積し、逆に、緑色光が豊富な環境ではフィコエリスリンを蓄積することで、光合成の効率を高めています(図1)。この能力は補色順化と呼ばれ、光合成の環境応答の代表的な例として、1902年には既に報告されていました(1)。近年では緑・赤色光以外の光も含めて光色順化(Chromatic Acclimation; CA)と呼ばれています。

どのような光受容体が補色順化を制御するのか、長年の論争が続いていました。フィコエリスリンは530 nm付近の緑色光、フィコシアニンは650 nm付近の赤色光によって合成誘導されることや、お互いの光の効果が打ち消すように働くこと、光合成電子伝達阻害剤の影響を受けないこと、360 nm付近のビリン発

色団の短波長吸収帯に相当する光によってフィコシアニンがわずかに誘導されることがわかっていました。これらの特徴から、植物の光受容体であるフィトクロムに似たタンパク質が緑・赤色光を吸収する可能性が示唆されていました。抽出物から光受容体を精製しようという試みもなされていましたが、変性タンパク質のアーティファクトを検出するなどうまくいきませんでした。また、緑と赤の光を受容する別々の光受容体が存在する可能性も残っていました。

その後、緑色光と赤色光に応答できないシアノバクテリアの変異体をスクリーニングし、その原因遺伝子を特定するというアプローチによって、補色順化の制御因子と考えられる複数のタンパク質が特定されました。特に、植物のフィトクロムと相同性を持つ光受容体(後に東京大学の池内昌彦先生がシアノバクテリオクロムと命名)であるRcaEが、フィコエリスリンとフィコシアニンの遺伝子群の発現を制御することが明らかとなりました(2)。しかし、光受容体としての性質は明らかになっていませんでした。私は以前の研究で、光受容体RcaEが緑・赤色光を受容して可逆的な変換を示すことを明らかにし、その吸収波長のpH依存性を詳細に調べることで、緑・赤色光変換の本質が、ビリン発色団におけるプロトンの着脱反応であることを明らかにしました(図2)(3, 4)。この光変換機構は、赤・遠赤色光を受容するフィトクロムとは全く異なる新奇な機構であり、Protochromic photocycle(プロトン発色性光変換)と命名しました。

2. 新しい環境への順化

さて、ここからが奨励賞の研究内容となります。緑・赤色光変換はビリン発色団のプロトン移動によって引き起こされることはわかったけれども、どのようなメカニズムでプロトンが移動しているのかわかりませんでした。それを理解するためには吸収スペクトル変化などの間接的な手法ではなく、構造レベルで理解

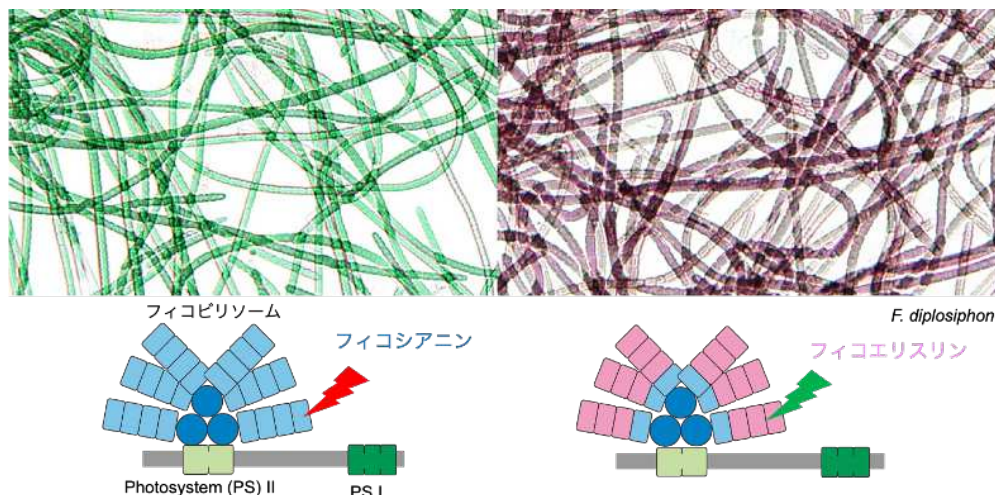


図1, 補色順化を行うシアノバクテリアの顕微鏡写真(上)とフィコビリソームの吸収波長の変化(下)

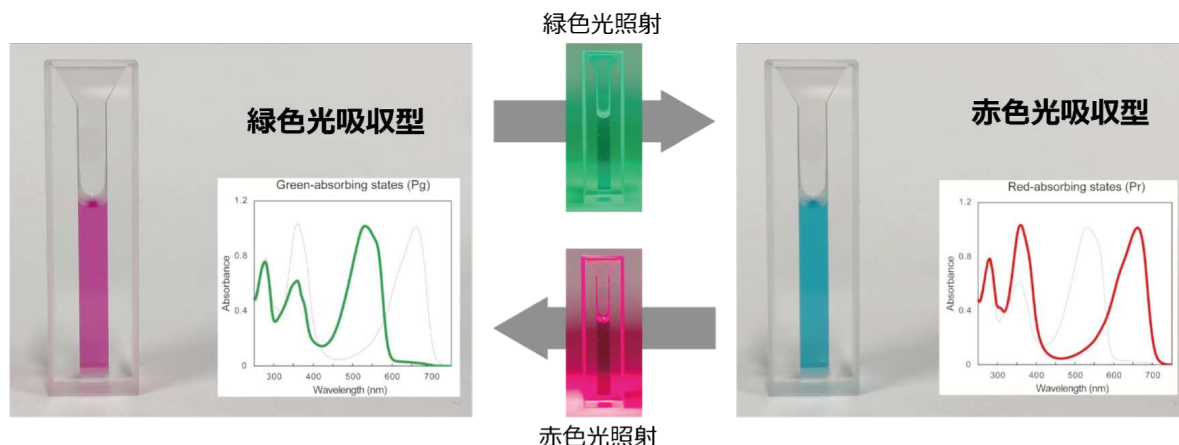


図2, 補色順化を制御するシアノバクテリオクロム (RcaE) のタンパク質溶液の光変換 (動画ファイルを下記 URL にて公開) https://www.science.org/doi/suppl/10.1126/sciadv.adn8386/suppl_file/sciadv.adn8386_movie_s1.zip

する必要がありました。構造データは自分で取得することはできないので、試料を調製し、共同研究先に供給して測定してもらう必要がありました。また、当時次々に公開されていたシアノバクテリアのゲノムデータから、光色順化には種間で大きな多様性がありそうということが明らかになっていました(5)。また、当時は次世代シーケンサーの黎明期で、モデル生物ではないシアノバクテリアのゲノム研究も個人レベルで進めていくことが可能になりつつありました。そこで、構造についての研究は共同研究ベースで進め、ゲノム情報を活用した研究については自らの手で進めていくこととしました。東京大学の服部正平先生の研究室での学振PD (同時に千葉大の田中寛先生の研究室にも居候していた) を経て、2012年に豊橋技術科学大学のエレクトロニクス先端融合研究所の特任助教として採用されました。着任してから知ったのですが、豊橋技科大にはシーケンサー予算はありましたが、Wetの設備は無く、自分でラボを立ち上げる必要がありました。仕方ないので、ゲノム研究を手伝いながら消耗品をもらったり、中古品をネットで漁ったり、AIが無い時代でしたから、スクリプトを苦勞して書いて動かしたり、研究とは全く関係がない少額の助成金を書いたり、博士課程の頃と比べると、研究の進みが非常にゆっくりでした。ゲノム微生物学会の若手賞を頂いたのはこの頃でしたが、実際の所は、任期付きの身分でこんなことをしているのか・・・とっていました。

そうこうしているうちに、当時豊橋技術科学大学の学長であった榊佳之先生のご尽力もあり、補正予算でイルミナのシーケンサー MiSeq および解析用 Server が導入されました。ゲノムDNA やライブラリ調製法を工夫し、低コストにゲノムを決定する方法を確立しました(6-10)。東農大の吉川博文先生や兼崎友先生にはNGSの運用について様々な相談にのっていただきました。東北大学の平塚嘉行先生の開発したソフトウェア GenoFinisher にはずいぶん助けられ、ヘビーユーザーの一人でした(11)。この手法とナショナルバイオリソースプロジェクトの予算を活用し、国立環境研の河地正伸先生や遺伝研の中村保一先生のグループと共同で、2016年に30株以上のシアノバクテリアのゲノムの配列を公開しました(12)。このような事業に関わる過程で、ゲノム配列決定は、特定の事象を解明しようとする研究ではなく、公共工事のようなインフラ整備の側面が大きいと感じました。次世代シーケンサーが登場する以前からゲノム決定に関わってきた先人の偉大さというものを身にしみて感じました。

その後、豊橋技科大にて社会人向けの講座を充実させようという動きがありました。当時は、菌叢解析に初めて取り組む人のための Dry と Wet のプロトコルを体系的にまとめた教材がありませんでした。そこで、菌叢解析に興味がある人を集めて次世代

シーケンサー講習会を定期的で開催し、同時に大学から予算を引き出すというテクニックも学びました。MiSeq を使いたいという依頼も多く、他の研究者から頼まれたことはなるべく断らないように心がけてきました。その結果、やり残してしまったプロジェクトもあり、その点は大きな反省です。ただ、周りとの連携している姿勢を学内の先生方が見てくださったようで、私が教育や学内業務もきちんとこなす人間であることがわかってもらえたようでした。その後、環境・生命工学系(現応用化学・生命工学系)の菊池洋先生のご紹介で、浴俊彦先生が助教として採用していただき、本学に根を下ろすことができました。浴先生には、酵母や線虫をはじめとする真核生物の研究手法に加え、工学分野における応用研究の重要性、高専出身学生への接し方、大学教員としての立ち振る舞いなど、大変多くのことを学ばせていただきました。

3, 自分自身の研究の進展

このように自分が新しい環境に少しずつ順化するにつれて、重たい自転車を漕ぎ出すように、少しずつ研究が進み始めました。ここはどうしても細かい話になりますが、ご容赦ください。シアノバクテリアのゲノム情報を精査してみると、光色順化によって制御されるフィコビリソーム遺伝子の組み合わせには多様性があることがわかり、フィコビリソームの構造変化の実態を、細胞やフィコビリソームの分光解析や、RNA-Seq によって明らかにしました。例えば、フィコエリスリンが多く蓄積するタイプの光色順化(13)、フィコエリスロシアニンと呼ばれる黄緑色光を吸収するタンパク質を制御するタイプ(14)、当時修士課程の大津卓人さんが解析した複数の光受容体によって制御されるタイプ(15)、当時修士課程の久布白陸実さんが解析したロッド状フィコビリソームが制御されるタイプ(16)、など、これまでに知られていなかったタイプの光色順化の存在が明らかとなりました。現在では学術変革領域A「光合成ユビキティ」(領域代表:大阪大学栗栖源嗣先生)に参画し、これらのフィコビリソームのクライオ電子顕微鏡を用いた構造解析にも取り組むことになりました。

このような研究の流れと並行して取り組んでいた光受容体 RcaE の構造解析にもようやく進展がありました。光色順化を制御する光受容体において、緑色光吸収型でピリン発色団が脱プロトン化し、赤色光吸収型ではプロトン化することがわかっていました。ピリン発色団は4つのピロール環(A-D環)を持ち、そのうちのどれか1つが脱プロトン化するという性質を持ちます。佐賀大学の海野雅司先生、藤澤知績先生とラマン分光解析を行った結果、B環が脱プロトン化しているのではないかと可能性が示されました(17)。また、名古屋大学の永江峰幸先生が光受容体の赤色光吸収型のX線結晶構造解析に成功しました(18)。

興味深いことに、ピリン発色団の近傍には水分子が充填された孔が空いており、発色団が親水的な環境に置かれていました。緑色光吸収型の構造解析については難航しましたが、当時修士課程の加茂尊也さんがN末端を少しづつ欠失させたコンストラクトを作製してタンパク質を精製するという作業を繰り返し、その中の1つを用いることで緑色光吸収型の構造解析に成功しました。面白いことに、赤色光吸収型と比較してピリン発色団の位置が大きく移動し、水分子が入っていた孔も消失し、タンパク質内部の疎水的な環境に置かれていることがわかりました。このような親水的／疎水的な環境変化がプロトン移動を引き起こすための重要な要素と考えられました(図3上)。

NMRを用いてピリン発色団の4つの窒素原子のプロトン化状態を調べるためには、高い信号強度を持つ安定同位体¹⁵Nで標識法を確立する必要がありました。加茂さんがシアノバクテリアを用いた同位体標識試料の調製法を確立し(19)、金沢大学の宇梶裕先生がB環およびC環特異的に同位体標識する手法を確立しました(20)。当時学部生の藤田雄也さんが、これらの貴重な標識発色団をタンパク質に取り込ませ、東京薬科大学の三島正規先生と大阪大学の宮ノ入洋平先生がNMR測定を行い、最終的にB環が脱プロトン化していることを直接的に証明することができました(21)。海野先生の量子化学計算により、B環が脱プロトン化することで共役二重結合系が弱まり、吸収波長が短波長シフトすることが示されました(図3下)。プロトン発色性光変換を発見してから11年間かかりましたが、チームとして取り組むことで、その反応を構造レベルで理解することができました。

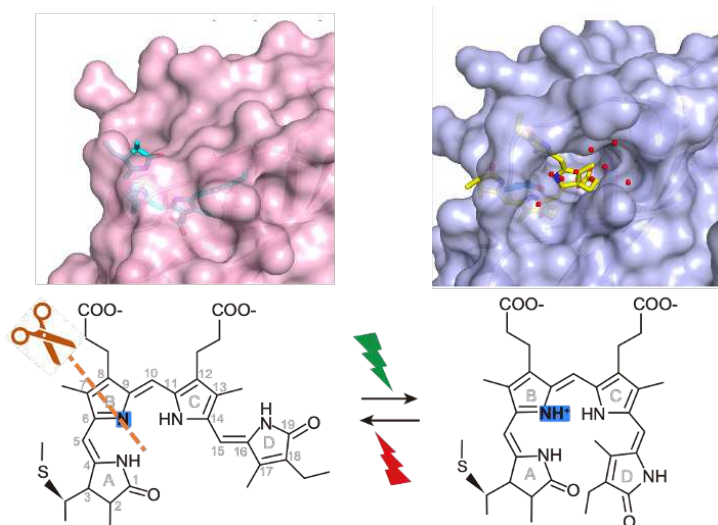


図3, RcaEのタンパク質(上)およびピリン発色団(下)における構造変化。タンパク質表面に水分子(赤色)が充填された通路が形成する。脱プロトン化したB環において共役性が弱まり(ハサミ)、吸収波長が短波長へシフトする。

4. 博士号を取ってからの14年を振り返る

これらの研究の流れを振り返ると、1)自分が興味を持ち、自分の研究室で進める研究と、2)自分が興味を持ち、様々な分野の先生を巻き込んだ共同研究、3)自分の興味ではないが、他の研究者から依頼された多くの受託・共同研究、4)研究以外の業務、のバランスをとることに注力してきました。上記で説明したのは1)と2)の一部になりますが、実務としては3)と4)に関わる時間のほうが大きく、研究のペースは想定よりも上げられませんでした。独立して研究活動を行うための環境を10年ほどかけて整備することができました。このような形で研究を進めることができたのは、私の研究分野が萌芽的でそれほど競争の激しくない分野であったことに加え、建設的な議論をしてくださる共同研究者や、一緒に楽しくお酒を飲んでくれる友人の方々に恵まれてい

たからだと思います。また、競争の激しい分野では独立にこだわらず、誰かの下についてチームとして取り組むのも良い選択肢かもしれません。

豊橋技術科学大学に移ったばかりの頃、偉い先生から「もっと自分自身の研究に集中したほうがよい」というコメントを頂いたこともありましたが、そもそも集中する研究環境が整っていないのだから仕方がない、正論コメントよりもポストか研究費をくれ!と書いていました(口にはしませんが)。もしかしたら、地方大学で同じような境遇で苦勞されている方がいらっしゃるかもしれませんが、研究を継続していればいつか新しい研究を立ち上げられますから、諦めずに続けてほしいと思います。時には泥水をすすするような状況に立たされることもあるかもしれませんが、人間として一回りも二回りも強くなりますし、何より10年後の飲み会で最高のネタになります。また、苦勞している人の気持ちがわかるようになれば、人の上に立つPIとして成長することも期待できます。若手の研究者の皆さんには、リスクをとって新しい研究環境にチャレンジしてほしいと思います。

最後になりますが、私は最近大学発ベンチャーの立ち上げに関わっており、気づいたことがあります。アカデミアでは博士号を持っていることが当たり前ですが、民間ではまだ取得者が少なく、博士号を持っていることで、科学や技術に関する深い知識を有するエキスパートとして見てもらえる、すなわち博士号が強力な免許証として機能することを日々実感しています。将来、大学教員のポストは少子化によって減っていくかもしれませんが、博士号取得者の産業界のニーズはそれを上回るペースで拡大していくのではないかと思います。また、現時点でも、博士号取得者の年収分布は修士号取得者と比べて高くなることが示されています(22, 23)。博士課程への進学は決して簡単な道ではありませんが、皆さんの人生が物質的にも精神的にも必ず豊かになりますから、私は進学を強くお勧めします。そして、進学したらぜひこの学会で沢山の仲間と熱い議論を重ねてください。最後に、本研究に関わってくださった全ての共同研究者、同僚、研究室スタッフ、学生、家族に感謝申し上げます。

引用文献

- Gaidukov N., *Abh. Preuss. Akad. Wiss.*, 5:8-13 (1902)
- Kehoe D. M. et al., *Science*, 273(5280):1409-12 (1996)
- Hirose Y. et al., *Proc. Natl. Acad. Sci. U S A.*, 105:9528-9533 (2008)
- Hirose Y. et al., *Proc. Natl. Acad. Sci. U S A.*, 110:4974-4979 (2013)
- Hirose Y. et al., *Proc. Natl. Acad. Sci. U S A.*, 107:8854-8859 (2010)
- Hirose Y. et al., *Genome Announc.*, 3:e00357-00315 (2015)
- Hirose Y. et al., *Genome Announc.*, 3:e00385-00315 (2015)
- Hirose Y. et al., *J. Biotechnol.*, 218:51-52 (2016)
- Hirose Y. et al., *J. Biotechnol.*, 220:45-46 (2016)
- Hirose Y. et al., *Genome Announc.*, 4 (2016)
- Ohtsubo Y. et al., *Biosci. Biotechnol. Biochem.*, 86:693-703 (2022)
- Hirose Y. et al., *DNA Res.*, 28 (2021)
- Hirose Y. et al., *DNA Res.*, 24:387-396 (2017)
- Hirose Y. et al., *Mol. Plant*, 12:715-725 (2019)
- Otsu T. et al., *Plant Physiol.*, 190:779-793 (2022)
- Kubushiro M. et al., *Plant Cell Physiol.*, 66:1274-1283 (2025)
- Osogawa S. et al., *J. Phys. Chem. B*, 123:3242-3247 (2019)
- Nagae T. et al., *Proc. Natl. Acad. Sci. U S A.*, 118:e2024583118 (2021)
- Kamo T. et al., *Plant Cell Physiol.*, 62:334-347 (2021)
- Araya H. et al., *Bull. Chem. Soc. Jpn.*, 98(9):uoaf082 (2025)
- Nagae T. et al., *Sci Adv.*, 10:eadn8386 (2024)
- 坂本貴志 (2019) 博士のその後は闇か? <https://www.works-i.com/column/works04/detail012.html>
- 森川正之 (2023) 「博士課程卒業者は不遇か? - 就業構造基本調査(2022年)からの観察」RIETI コラム https://www.rieti.go.jp/jp/columns/a01_0733.html

若手賞受賞研究

予測不能な研究人生を楽しみたい

今野 直輝

スタンフォード大学医学系研究科

東京大学大学院理学系研究科

この度はゲノム微生物学会若手賞を賜り大変光栄に存じます。ゲノム微生物学会には修士1年生の時から年会に参加・発表しており、多くの参加者の方々と研究交流をさせていただきました。この学会は自分を研究者として育ててくれた場だと感じております。日々、学会業務や年会の運営にご尽力されている皆様、これまで年会にて議論して下さった全ての皆様、そして、東京大学・古澤力先生、ブリティッシュコロンビア大・谷内江望先生をはじめ、これまでご指導下さった全ての先生・同僚の皆様に改めて心から感謝を申し上げます。この受賞記ではこれまでの研究を紹介するとともに、根底にある私の生命に対する興味、研究や研究者人生に対して感じている魅力を言葉にする場とさせていただきます。



地球上には驚くほど多様な生命が存在し、それぞれ様々な遺伝子の機能が複雑に組み合わさった精巧かつ柔軟なシステムとして振る舞っています。教科書を開けば先人たちが発見してきた無数の興味深い知識が並んでいて、個々の生物種の個別の生命現象を突き詰めていく研究の魅力を存分に感じます。と同時に、個別具体的な現象論のみならず、何か生命全体を俯瞰的に理解してみたいという野心も湧いてきます。では自分にとって、何が分かれば多様かつ複雑な生命を理解した気持ちになれるだろうか？

そんな漠然とした問いを抱きながら、私は生命が自然界で出来上がってきた進化の歴史に着目し、「過去の膨大な進化史の情報に基づいて未観測の進化がどれだけ予測できるのか」を研究してきました。もしも生命進化を予測可能なモデルを構築できれば、そのモデルは何らかの進化のルールを学習しているはずであり、そのモデルを介して生命システムが出来上がる過程のルールを理解できるのではないかと考えたからです。

これまでの進化の予測可能性に関する多くの研究は、微生物の

実験進化のように直接観測が可能な短期的進化を対象にしてきました。これに対し、私は大量の遺伝子の獲得や欠失を伴うような数十億年規模の長期的進化の予測可能性に焦点を当てることで、ゲノム全体にコードされた生命システム全体の進化の法則性に迫ることを目標としてきました。この目的の達成に向けて(1)膨大なデータから過去の進化の過程を推定する技術(2)過去の進化から未観測の進化を予測する技術(3)未開拓の進化パターンの事例探索に取り組んできています。

(1) 膨大なデータから過去の進化の過程を推定する技術の構築

長期的な進化は直接の観測ができないため、その法則性を探る上ではまず過去の進化過程を推定することが必要になります。私は学部3年次の頃に、東大(当時)・谷内江望研究室でインターンとして、膨大なDNA情報から巨大な系統樹を高速推定する技術の研究開発に取り組みました。複数種のDNA配列から進化系統樹を推定する問題は、DNA配列数に対して計算量が爆発的に増加するため、当時は100万配列以上のDNA配列を扱うことが困難でした。我々の研究では、メタゲノム解析にも使われるPhylogenetic placementという技術を活用することで、巨大系統樹の推定タスクを多数の小さな系統樹の推定タスクに分解し、多数の計算機での並列計算を可能にするフレームワークFRACTALを開発しました(図1)。最終的に従来の限界の100倍以上に当たる2億配列以上の配列データからでも正確な系統樹推定が可能であることを示すことに成功しました(2)。

この研究を行った当時はまだ自分の研究テーマを模索していた頃であり、FRACTALの改良や性能評価を続けながら「自分は今もっと生物学的な知識の発見をしたいんだけどなあ」と、もどかしさも感じていた記憶があります。一方で、今思えばこの研究で系統樹のデータ構造の情報解析的な扱いをトレーニングできたことが、その後の研究の発想や展開に繋がっているようにも感じます。

(2) 過去の進化から未観測の進化を予測する技術の構築

学部の卒業研究として、膨大なゲノム情報から生命進化のパターンや法則性を情報解析的に抽出できないか、というモチベーションでこの研究を始めました。当時(2019年)はGenome Taxonomy Databaseの論文が出た直後であり、大量の微生物ゲノムと系統樹を活用すれば過去の遺伝子獲得・欠失の進化の歴史を網羅的に復元できそうだ、ということまでは自然に考えが浮かんだものの、そこからどうすれば進化の法則性を抽出できるのか、は依然難しい問いです(今でも模索しています)。研究を始めてからも半年以上、PCAやネットワーク解析の複雑怪奇なプロットと睨めっこする日々が続きました。

結局卒論提出の2-3ヶ月前になってようやく「ある時点の遺伝子セットの情報から次に生じる遺伝子獲得・欠失の確率を予測する」という機械学習モデルEvodictorの着想に至りました(図2)。その結果、「各オルソログの水平伝播や欠失が今後どの種で起きる確率が高いか」を予測・検証することが可能になり、実際に原核微生物のゲノム進化において様々な遺伝子の獲得・欠失が予測できることを発見しました(2)。予測が可能ということは、異なる系統の遺伝子獲得・欠失による進化が共通の順序で生じる傾向があることを示唆します。

修士課程以降も研究を続け、具体的にどのような進化のパター

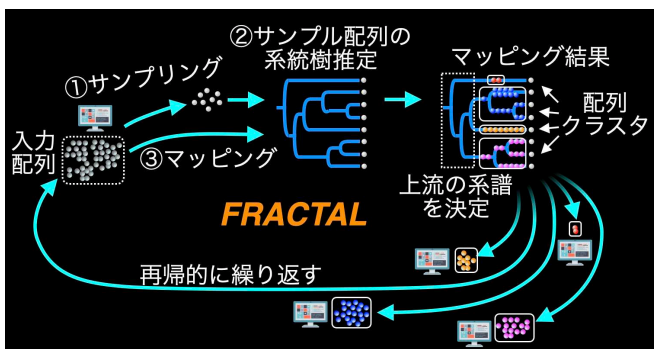
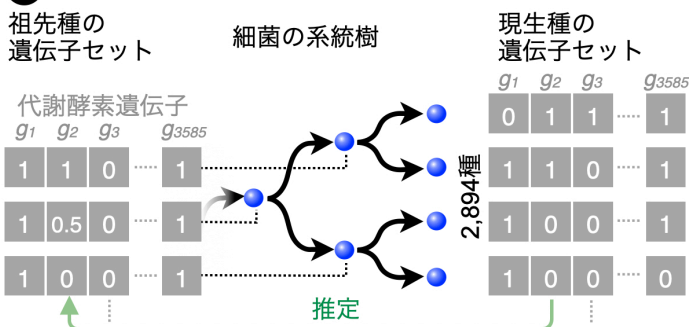


図1 FRACTALによる巨大系統樹の高速推定

1 ゲノム進化史の推定



2 進化予測モデルの構築

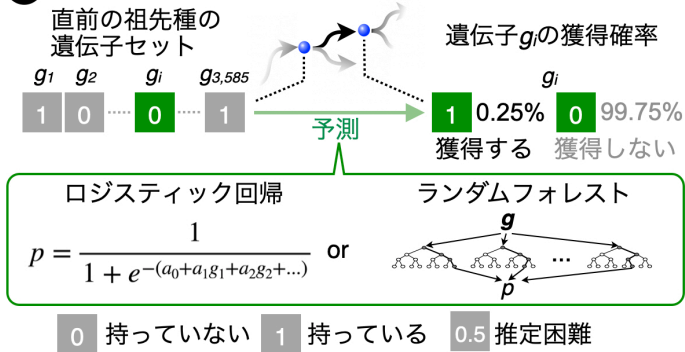


図2 Evodictor による遺伝子獲得。欠損進化の予測。文献2) より改変転載。

ンが Evodictor に学習されたのかを解析し始めました。情報解析の結果と生物学的な知見を紐付けることには機械学習モデルの実装・適用以上に苦労しましたが、最終的に、例えば難分解性化合物の分解経路の水平伝播では経路の下流から上流の順番で遺伝子が獲得される、など異なる系統で繰り返す興味深い進化の法則性を発見しました。さらに大量のメタゲノムデータも活用することで、その遺伝子獲得の順番が生息環境変化と連動していることも発見し、遺伝子獲得・欠失による進化の順序が、遺伝子の機能関係による制約や生息環境の進化的変遷に規定されていることが見えてきました。この研究テーマは今後も自分のライフワークとして、理論・解析・実験検証のそれぞれの側面から追究していく予定です。

(3) 未開拓の進化パターンの事例探索

修士課程後半から博士課程になると、Evodictor の研究をゲノム微生物学会などの場で発表する中で、少しずつ国内外の研究者の皆様との関わりが生まれました。彼らとの共同研究をきっかけに、様々な個別の研究対象の進化の過程や背後のパターンを解析し始めました。特に東京農業大学の遠藤明仁先生との共同研究は、特定系統の進化をつぶさに解析する楽しさを知るきっかけとなった研究です(3)。良好な生育にフルクトースが重要な乳酸菌系統(フルクトフィリック乳酸菌)の収斂進化に着目し、2つの異なる系統で100個以上の遺伝子が独立かつ共通に欠失しており、その欠失する順序が有意に類似していることを発見しました。

さらにこの乳酸菌2系統が共通に欠失しているアルコール代謝酵素 AdhE の進化解析がきっかけとなり、アルコール・アルデヒド脱水素酵素 (ADH・ALDH) の融合酵素が細菌の進化の過程で2回独立して収斂進化していることを発見しました。新たに発見した酵素 BdhE の酵素活性測定やクライオ電子顕微鏡を通じて ALDH-ADH 間のチャネリング構造が収斂進化している可能性を示しました(4)(図3)。これらの一連の発見は、共通の選択圧や制約の下で遺伝子セットやタンパク質構造といった複雑な形

質が驚くほど類似した進化を繰り返していることを示しています。

さらに最近では、同世代の共同研究者との繋がりを通じて薬剤耐性遺伝子がプラスミドに蔓延する過程の順序パターン(5)や、細菌の種内協力機能とニッチ幅(ジェネラリスト・スペシャリスト)の進化の順序パターンも発見しました(6)。今後もこのような具体的な対象について研究の幅を広げるとともに、それらのパターンを網羅的に検出・学習できる予測モデルを設計することで、多様な系統群の進化を俯瞰する解析にも繋げ、「木も見て森も見る」研究を展開できたらと考えています。

このように振り返ってみると、これまでの研究を一連のストーリーのように語ることは可能ではあるものの、その途中経過は行き当たりばったりで、どの研究テーマが上手くいつて数年後に自分がどんな研究テーマに興味があるかは全然予測できないものだったと感じます(予測できないからこそ楽しいように感じています)。またその過程には沢山の研究者との出会いがあり、皆様との多くの議論の中で新しい研究テーマを模索できることに日々感謝しております。

一方で、最初に書いた「個別具体的な現象論のみならず、何か生命全体を俯瞰的に理解してみたい」というような自分の生命に対する根本的な興味自体は高校生の頃から変わらない部分もあり、そうした感覚は今後も大事にしながら研究を続けてみたいと思います。まだ目標には程遠い段階ですが、登山をしている時に時々振り返って気づく雄大な景色のように、40-50年後に自分の研究を眺め直した時に何か生命というシステムについて分かった感覚があるといいなと思いつつ、今後も手探りで研究を進めていきたいです。

引用文献

- 1) Konno N. et al., *Nat. Biotechnol.*, Vol. 40, 566–575 (2022)
- 2) Konno N. and Iwasaki W., *Sci. Adv.*, Vol. 9, Issue 2, 1-13 (2023)
- 3) Konno N. et al., *Comm. Biol.*, 7, 902 (2024)
- 4) Konno N. et al., *Nat. Comm.*, 16, 8278 (2025)
- 5) Ono R. and Konno N. et al., *NAR*, Vol. 54, Issue 2, 27 (2026)
- 6) Hao C. and Konno N. et al., *PNAS*, 123 (10) (2026)

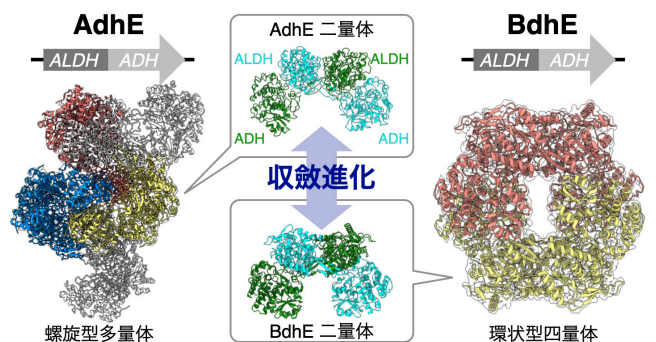


図3 AdhE と BdhE の収斂した複合体構造。文献4) より改変転載。

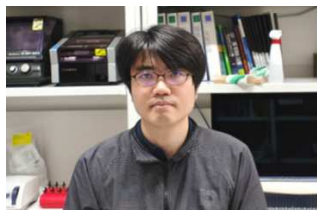
可動性因子による細菌ゲノム構造の進化に関する実験研究

金井 雄樹

東京大学 先進科学研究機構 特任助教

JST さきがけ研究者

このたびは、日本ゲノム微生物学会若手賞に選出いただき、誠にありがとうございます。本受賞は、共同研究者の方々、研究室の皆様、そして学会の皆様のお力添えあってのものです。また、多くの先輩方が本賞を受賞されてきたことを思うと、大変光栄であると同時に身の引き締まる思いです。



私が微生物の研究に惹かれてきたのは、地球生命の多様性と複雑性への関心からです。微生物は地球規模の生命現象の重要な担い手であり、野外から水をすくって顕微鏡で見ただけでも、その圧倒的な多様性は明らかです。ゲノム配列が容易に読めるようになり、その進化については多くのことが解明されつつあります。しかし、歴史を紐解くだけでは、なぜこれほどの多様化・複雑化が可能であるか、十分に理解することはできません。私は、複雑さや多様性を可能にする条件そのものを理解し、それを実験室で再現できるようになることに関心を持っています。

中でも興味を持ってきたのが、Major Evolutionary Transitions¹ と呼ばれる地球生命の進化史における大きな転換です。自己複製分子から細胞へ、内部共生による真核生物の成立へ、さらに多細胞化へと至る過程で、自然選択の単位が統合され、新しい階層での進化が始まりました。こうした複雑化の過程はこれまで主に理論や比較ゲノム解析で研究されてきましたが、人工知能でゲノムを生成²・合成³できるようになった今、進化の前段階を用意して適切な条件下で進化させることができれば、実験室

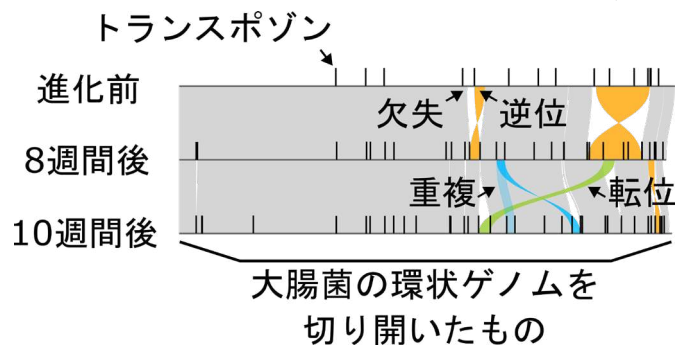


図1 大腸菌ゲノム構造の高速進化の一例 (Kanai et al., NAR, 2025 より改変)

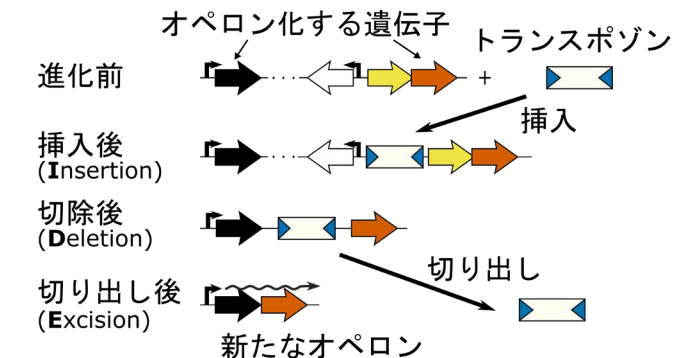


図2 IDEモデルによるオペロン形成 (Kanai et al., NAR, 2022 より改変)

で進化の階層が変わる過程を直接捉えられるようになるのではないかと考えています。

受賞対象となった博士課程の研究では、内部共生に着目しました。内部共生細菌のゲノムは自由生活性の近縁種と比べて著しく縮小していることが知られており、その駆動力の一つが挿入配列 (IS) と呼ばれる DNA トランスポゾンです⁴。IS はゲノム内で増幅し、相同組換えを介して大規模な欠失や再編を引き起こすと考えられています。しかし、多くの内部共生細菌と近縁な自由生活性細菌であり、モデル生物である大腸菌において、IS の転移率はおよそ年 1 回です⁵。そのため、自然界で見られるような IS が数百コピーにまで増大する過程や、IS に駆動された大規模なゲノム構造変化を実験的に捉えることは困難です。そこで私は、大腸菌において IS を活性化させ、ゲノム構造の進化を実験的に再現することを目指しました。

IS 活性の高い大腸菌を作出するため、トランスポザゼの発現量を誘導系にして高めるとともに、IS の内部に赤色蛍光タンパク質遺伝子を組み込んでセルソーターで選抜することで、IS が十数箇所にランダムに挿入された株を構築しました。これを用いた mutation accumulation 実験により、中立進化下でのゲノムダイナミクスを追跡しました。その結果、わずか 10 週間で顕著なゲノムサイズ変化・構造変化・IS コピー数の増加が観察されました (図 1)⁶。その規模は十年以上の大腸菌進化実験に匹敵するものであり^{7,8}、IS の活性化によってゲノム構造進化が大きく加速できることを示しました。一方、内部共生細菌で見られるような極端なゲノム縮小には至らず、そのような進化には宿主との相互作用といった環境条件やさらに長期の進化が必要であることもわかりました。また予想外のこととして、複合トランスポゾン様の移動が複数回観察され、本系がゲノム構造進化だけでなくトランスポゾン自体の進化を調べる基盤にもなることがわかりました。

もう一つ、私に関心を持っているのは、IS は単にゲノムを壊す存在ではなく、細菌ゲノムの構造を形作る側面を持つのではないかとこの点です⁹。以前の研究で、IS がオペロン形成に関与するとする「IDE 仮説」を提唱しました¹⁰ (図 2) (ニュースレター 27 号、2023 年 7 月)。IS はしばしば内部にプロモーターを持ち、挿入した下流の遺伝子を活性化します。複数の遺伝子が協調して初めて発揮される機能において、それらが一つのオペロンを形成していれば、一回の IS 挿入で宿主の適応度が上昇します。こうして IS がオペロン化を促進し、ゲノムがオペロン化するほど IS が宿主に貢献しやすくなる、つまり、IS には自身の環境であるゲノムを「住みやすく」改変する「環境形成作用」があることを「IDE 仮説」は示唆します。

今後は、内部共生にとどまらず、生命のより初期段階や内部共生後の進化的転換にも視野を広げていきたいと考えています。これまで取り組んできた RNA ワールドの実験モデル研究や、現在進めようとしている細菌への大規模遺伝子制御ネットワーク導入と空間パターン形成の研究も、その延長線上にあります。これらの研究を通じて、生命の複雑さがどのように生まれ進化したのかを、「作って理解する」アプローチで探っていきたいと思っています。今回の受賞を励みに、一層精進してまいります。

引用文献

- 1) Szathmáry, E., et al. *Nature* 374, 227–232 (1995)
- 2) Bixi, G., et al. *Nature* (2026)
- 3) Gibson D.G., et al. *Science*. 329(5987):52–56 (2010)
- 4) McCutcheon J.P., et al. *Nat Rev Microbiol*. 10(1):13–26 (2012)
- 5) Lee H., et al. *Nucleic Acids Research*, 44 (15) :7109–7119 (2016)
- 6) Kanai Y., et al. *Nucleic Acids Research*, 53 (9) gkaf331 (2025)
- 7) Consuegra, J., et al. *Nat Commun*, 12, 980 (2021)
- 8) Tenailon, O., et al. *Nature*, 536, 165–170 (2016).
- 9) Kanai et al., *Curr Opin Syst Biol*, 36:100481(2023)
- 10) Kanai et al., *Nucleic Acids Res*, 50 (3) 1673–1686 (2022)

第20回日本ゲノム微生物学会年会開催報告

布浦 拓郎 (海洋研究開発機構)

第20回年会を、かずさDNA研究所との共催にて、かずさアカデミアホールにて開催しました。会員・非会員合わせ203名(オンライン参加22名を含む)と数多くの皆様に参加いただきました。準備・当日の運営に尽力いただきました役員の皆様、参加いただきました皆様に感謝申し上げます。

開催案内にて、リスタート!? 発展的解消!? -日本ゲノム微生物学会と日本における微生物研究の今後を考える-と出させていただき、この表題に対応するシンポジウム、海外からの招待演者を含むエッジの効いたシンポジウム、そして、目一杯の口頭演題を詰め込みました。また、ショートトークを止め、最終日には、授賞ポスターをご覧いただく時間を確保したほか、口頭発表をホールで行う等、これまでとは異なる試みを行いました。皆様、どのような感想をお持ちでしょうか?

シンポジウムでは、シンポジストの皆様の奮闘により、本学会を大切にされる気持ちが溢れるご意見をいただくことが出来ました。会場やプログラムについても、様々なご感想があるかと思います。サイエンスにおいても、運営においても、当学会は様々な面で転換期を迎えています。いずれに進もうとも、皆様の熱い気持ちが、今後の学会運営に不可欠です。忌憚ないご意見を引き続き、宜しくお願い致します。

第21回日本ゲノム微生物学会年会開催案内

年会長 石川 周 (神戸大学)

第21回日本ゲノム微生物学会年会を、2027年3月16日(火)～18日(木)の日程で、かずさアカデミアホールにて開催いたします。本年会では、シンポジウム、口頭発表、ポスター発表を中心に、参加者の皆様が研究内容について十分に議論できる場を準備したいと考えています。また、若手研究者や学生の皆様を含め、参加者同士が分野や世代を越えて交流し、新しい研究のきっかけを得られるような機会も設けたいと考えています。

シンポジウムについては、ゲノム情報から微生物の生命を理解するという本学会の基盤を大切にしながら、その理解がどのように新しい研究や社会との接点へ広がっていくのかを考える企画を検討しています。基礎研究を出発点として、そこから見えてくる多様な展開を議論できる場にしたいと考えています。

近年の年会では、研究発表だけでなく、参加者同士の交流や、本学会のこれからを考える機会も重視されてきました。本年会においてもその流れを受け継ぎ、ゲノムを共通語として、様々な研究分野の方々が率直に議論できる場にしたいと考えています。2027年3月、かずさアカデミアホールで多くの皆様と研究を語り合えることを楽しみにしております。皆様のご参加とご発表を心よりお待ちしております。

第20回日本ゲノム微生物学会年会シンポジウム

「ゲノム微生物学会・そして日本の微生物研究の今後を考える」

布浦拓郎、大島拓、シンポジスト一同

日本ゲノム微生物学会の発足来20度目の年会にて、本学会の歴史を振り返り、今後のあり方を会員の皆様と議論する表記シンポジウムを開催しました。本シンポジウムでは、大島より学会の歴史を、布浦から微生物研究の歴史と国内における微生物学関連学会の概観を紹介した後、中堅・若手の高田さん、富永さん、男女共同参画から相馬さん、森田さん、学会・年会運営の課題を森さんから、最後に、微生物学を横断する微生物ウィーク2025を開催された大西さんから、話題提供いただき、中堅・若手を中心に会場とパネリストが意見交換する形でシンポジウムを進行しました。本シンポジウムが、20年という研究者一世代にも満たない短時間で大きく変った我々を取り巻く微生物学・社会、それぞれの状況を学会員の皆様と共有し、今後の本学会、そして日本国内における微生物学研究者ソサエティのあり方を考えていくきっかけになれば幸いです。本稿では、シンポジウムでの意見交換を踏まえ、本学会あるいは日本の微生物学ソサエティの課題を改めて概観し、シンポジウムへの参加不参加を問わず、会員の皆様と議論を共有したいと思います。

本学会は微生物ゲノム学会ではなく、ゲノム微生物学会を名乗っています。本学会初代会長挨拶や設立趣意書を改めて読み込むと、この学会名称には、Genome-based Microbiologyが将来General Microbiologyになるであろう、そして本学会がいずれ、日本におけるGeneral Microbiology学会設立に繋がる、との願いが込められていたことが分かります。本学会設立当時は、大型研究チームによるサンガー法を用いた微生物全ゲノム解析がピークを迎える一方、GS20やSolexaなどの次世代シーケンサーによる解析が国内でも始まりつつあり、また、所謂、メタゲノム解析・環境ゲノム解析が国内でも本格的に始まろうとしていました。次世代シーケンサーやメタゲノム解析等の新技術が国内において普及する上で設立当時の本学会が、情報交換の場として果たした役割は大きかったと言えるでしょう。そして、研究室単位あるいは研究者単独での微生物ゲノム解析が本格化します。果たして、現在はどうか？近代微生物学の誕生以来、微生物学には、大別すると、感染症、産業、分子生物学モデル、環境という流れがありますが、近年の腸内微生物研究や新たな産業微生物の開発等においては、これらの流れは以前にも増して交差するようになりました。比較ゲノム解析においては言うまでもありませんが、微生物研究の基盤である分類も、Archaea, Bacteriaにおいては、ゲノム情報に依ることが当然となり、公開データを駆使することで、時には万を超える(メタ)ゲノムデータの比較解析が研究者単位で可能になりました。新たな産業微生物の開発でも、これまで産業微生物とは扱われてこなかった微生物に対し、ゲノム情報やゲノム編集を活用した効率よい育種が試みられています。勿論、微生物ゲノムに潜む様々な現象の解明は

道半ばであり、様々な新しい研究手法の開発も進んでいますが、Genome-based Microbiology = General Microbiology という時代は既に到来していると言ってよいでしょう。

この現在において、年会参加者がどのようなモチベーションで参加されているのか、そのホンネを伺いたい、そして、学会設立趣旨の目指すところが達成された現在における本学会のアイデンティティを確認する・再構築するというのがこのシンポジウムの大きな目的でした。学会のアイデンティティの再構築に関する議論を深めるには、時間が十分ではありませんでしたが、高田さん、富永さんの絶大な貢献により、中堅・若手参加者がこの学会を愛され、楽しまれていること、必要とされていること、特に遺伝学・分子生物学系の微生物研究者にとっては不可欠な学会であることを、改めて確認することが出来ました。一方で、このことは、逆に大きな問題でもあります。つまり、現体制において、持続可能性に課題のあるボランティア依存の学会組織を、無理のない形で維持・発展する形に変革する必要がある、という難題に向き合う必要があるからです。勿論、属人的ボランティアに頼り続ける、という可能性を完全に否定するものではありません。但し、この参加者の満足度が高く、また、ゲノム解析が微生物学の必須アイテムとなっているが、学会員が増加しない、という矛盾も、学会の課題を浮き彫りにしています(これは、学会のアイデンティティと密接に関連しますので、ここでは深掘りしません)。

学会運営が抱える課題の背景には、本学会設立当時と現在の研究者を取り巻く社会的な変化もあります。当時と比較し、社会一般において、男女共同参画、ワークライフバランスは当然となりました。一方で、多くの研究者が所属する大学等の組織においては、教育・予算獲得等々におけるエフォートは拡大しています。また、年功序列が消えつつあるだけでなく、講座制を止め、若手がPIとして独立した体制へ移行する大学も増えてきました。勿論、この流れを否定する要素は見当たりません。敢えて懸念事項があるなら、若手PIの独立に、十分な支援体制が整備されるのか？(なければ目的と反する状況が生じる)ということ位でしょうか。とは言え、この社会的状況の変化は、“ボランティア”に支えられてきた学会運営に困難をもたらしてきました。今となつては想像もつきませんが、過去において、学生さんの無償バイトや、若手研究者の仕事時間を考慮しない“ボランティア”等、現在ではブラック！認定される活動に学会活動は支えられていました。その後、徐々に会社への委託を含め、ブラックな体制の改善は進んでいますが、中小学会の規模と基礎研究系学会の年会費や年会参加費では、完全な委託を行うことは出来ず、一部研究者へブラック？なボランティアをお願いする状況が依然として続いています。もちろん、このことでもって、研究者のボランティア活動を否定するものではありません。論文発行やそれに伴う評

価、査読システム、国際学会への貢献等々、研究生活の基盤となる多くのボランティアに支えられています（なお、国内では、これらのボランティアがキャリア形成において人事評価の対象となることは希ですが、海外ではより明確な基準となることもしばしばです）。また、国際的なルール構築への貢献、そのルールの国内への紹介等も重要な役割ですし、実社会に向けたアウトリーチ活動もあると思います。このようなソサエティにとって不可欠な様々な形のボランティア・学会活動、そして、我々自身の社会人として、家庭人としてのエフォートのバランスをどのように考えていくのか？その際に、我々の学会活動はどうあるべきなのでしょう？という問いです。

本学会では、黒川前会長により、この課題に対する議論が公の場で提起され、かずさアークにおける連続開催は、年会実施体制の見直しと持続的運用体制の構築に向けた取組みのひとつです（かずさDNA研究所に共催いただくことで、学会の会場費負担が大きく軽減されています）。実際、同じ研究者が連続して携わること、同じ業者さんとの意思疎通を図ることで、効率よい年会運営に関するノウハウは蓄積し、プロトコルが確立されてきています。一方、現在の学会員数、年会参加者数、年会費、年会参加費の大枠が変わらない前提において、業者さんへの委託を現在以上に増やすことは難しく、また、残る業務への対応は、単純に年会運営に携わる研究者の数を増やせばよいというものではない（ボランティアベースでの効率よい運用には、ある程度の属人的スキルが必要）ことも、運営に携わるスタッフ間での共通認識になりつつあります。

この状況に対する（これは、国内における中小の微生物系学会において共通する課題です）最も容易な解決策は、業者さんへの委託割合を上げうる体制を改めて検討すること、即ち、年会参加費の増額です。しかし、特に、学生会員の皆様の参加割合が高い本学会において、具体化するならば、一般会員の参加費は、国際学会参加費並にまで上昇するかもしれません。

この他、金銭負担の抑制を前提とする解決策として、研究会化による運営規模の縮小、あるいは学会の連合による規模拡大という異なる方向性が浮上します。研究会化では、現在の学会のレガシーの継承、母体となる規模の維持、年会費の廃止が前提として想定されます。また、年会でも、要旨集やウェブ配信等は廃止する等、サービスを必要最低限に留め、最小限の業者委託及びボランティアにて規模の維持を図ること等が想定されるでしょう。なお、集会規模については、最小限の業者委託を前提として数百人規模の年会の開催を行うのか、ボランティアのみでは無理な数百人規模の集会を諦め、テーマを絞ったボランティアで開催可能な百人程度までで収まる複数の研究会を実施するのか、等の議論はあるでしょう。

一方、十分な規模拡大にはマスメリットによる運営の企業委託が前提になります（逆に委託ナシは不可能）。ここで、様々な形で試みられてきた国内における General Microbiology 的イベントを振り返り、日本の微生物学ソサエティにおける大規模な集会ニーズについて、検討してみます。過去においては、本学会も参

画した環境微生物系合同学会が2度開催されましたが、大島や布浦の世代の研究者にとっては、学会間の調整等に忙殺され、あまりよい記憶はありません。様々な問題からマスメリットを十分発揮することができず、膨大なボランティア労力を要したこと等もあり、その後、途絶えています。学会運営の企業委託における経験も含め、様々な意味で早すぎたのでしょうか。一方、近年、新たな流れが生まれつつあります。今回のシンポジウムでは、直近に、微生物関連学会から提供されたシンポジウムから成る微生物ウィークを開催された大西さんが登壇し、当該連続シンポジウムの構成と、参加者アンケートについて紹介されました。この経験から改めて可視化された重要な点は、企業、アカデミア、いずれの観点からも、このような General Microbiology イベントへのニーズが確実にあること、また、このイベントが、複数の財団、多くの企業から支援により開催された、ということです。この General Microbiology に対するニーズの存在は、このイベントを主催した東大の微生物科学イノベーション連携研究機構だけでなく、筑波大の微生物サステナビリティ研究センターや信州大の菌類・微生物ダイナミズム創発研究センターのように、近年、大学においても General Microbiology 組織が作られていることから、伺うことができます。勿論、大きな大会においては、密な議論の場を確保することが難しい、という課題も浮上します。この課題への対応には、このような大会を組織する大きな枠組みによる支援のもと、負担の少ないボランティアで運営可能な規模の研究集会をテーマ毎に有志を中心に開催する、というような仕掛けが不可欠です。また、本年会においては、伝統的な国内発国際誌への投稿呼びかけをいただきました。大きな枠組みは、中小学会では困難なジャーナルの安定的な発行も可能にしますし、これらの伝統ある国内誌との有機的な連携も容易になるでしょう。いずれにせよ、このような将来像を共有し、複数学会が共同して集会を開催するには、コンセプトの共有は勿論、財団や企業との共同を含む財政基盤の確立（これがないと運営の企業委託が十分に進みません）を並行して進める必要があると考えます。

本シンポジウムの最大の成果は、上述の通り、この学会が会員にとって不可欠な存在であることが確認出来たことです。また、日本ゲノム微生物学会は、発足時より、General Microbiology 的性格を有し、人脈においても、発足当初より、大小様々な学会に参加されている研究者が会員として参画しており国内の微生物ソサエティのハブ的な存在になっています。この資産をどのように活用するのか、会員の皆様にとって、本当に必要な学会をどのように持続可能な形に変えていくのか、アイデンティティの再構築と併せ、今後とも、我が事としての議論を期待します。是非、学会運営に取り組みたい、という発言もいただきました。現在の運営能力に優れた数名のボランティアに依存する形は特別なことであると全ての学会員が認識することは不可欠です。改めて、本年会の開催に尽力いただきました学会役員の皆様に深く感謝致します。

最優秀ポスター賞受賞研究

大腸菌リボソーム RNA の化学修飾は生存に必須なのか

高槻 春華

東京大学 大学院総合文化研究科

この度は最優秀ポスター賞という栄誉ある賞をいただき誠にありがとうございます。年会運営に尽力して下さった皆様、議論をして下さった皆様、投票して下さった皆様、そして何よりご指導いただいた市橋さんと金井さん、共同研究者の皆様にご心より感謝申し上げます。



私の研究はリボソーム RNA(rRNA) の化学修飾に関するものです。大腸菌のrRNAには多数の化学修飾が存在します(図)。この化学修飾は生物種間で広く保存されており、翻訳の正確性やリボソームの正常な組み立てへの寄与が知られています(1)。個々

の化学修飾は単独で欠損可能であり、増殖への影響も小さいものがほとんどです。多重欠損株も報告されていますが(3)、これらの化学修飾がどこまで必要なのかについては明らかになっていません。この研究では大腸菌を用い、rRNAの化学修飾酵素遺伝子を段階的に欠損させていくことで、rRNAの化学修飾の全体としての必須性を明らかにすることを目指しました。結果としてrRNA化学修飾を大幅に減らしても大腸菌は生育可能なことが確認できました。

年会でのたくさんの議論と多様な発表を通して自分の視野が広がり、また研究の課題点が明確になったと感じています。ポスター発表の時間を多くとっていただいたことで、楽しみつつも腰を据えて議論ができたのではないかと思います。運営に携わる皆様にはご苦勞も多いことと存じますが、ご無理のない範囲で今後もこのような素敵な学会を続けていただければと、一会員として願っております。今回の受賞を励みに、皆様へいいご報告ができるように精進いたしますので今後ともどうぞよろしくお願いいたします。

引用文献

- 1) Decatur W. and Fournier M., *TRENDS in Biochemical Sciences.*, 27(7):344-351(2002)
- 2) Sloan KE. Et al., *RNA biology.*, 14(9):1138-1152(2017)
- 3) Liljeruhm J. et al., *RNA.*, 28(6):796-807(2022)

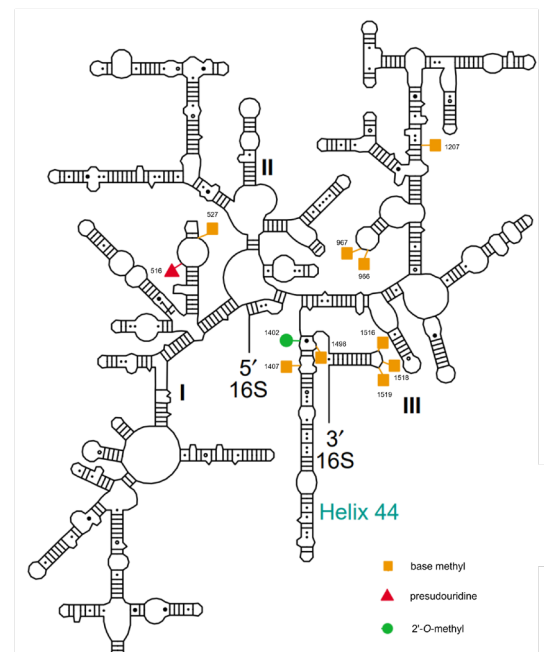
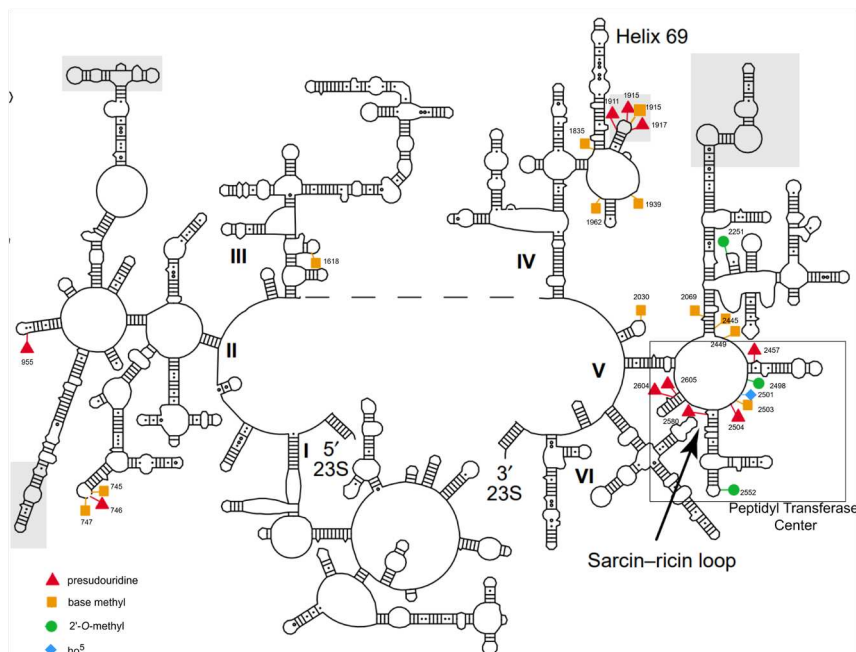


図1 大腸菌 rRNA の二次構造と化学修飾 ((1) より改変)

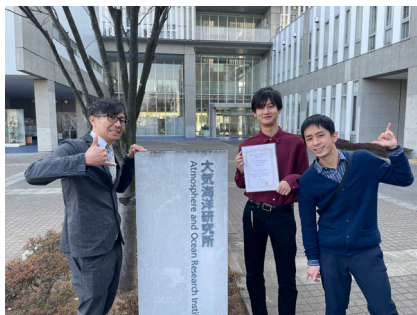
ポスター賞受賞研究

SAR11 のウイルス防御機構は遺伝的多様性のホットスポットに存在するか？

西野 聡

東京大学大学院 新領域創成科学研究科

私は、東京大学大気海洋研究所・吉澤研究室で、海洋細菌 SAR11 系統 (*Candidatus Pelagibacterales*) の研究に取り組んでいます。SAR11 系統は海洋原核細胞の約 25% を占め、地球上で最も豊富に存在する細菌系統群のひとつであると考えられて



左から吉澤先生、西野、富永博士

います [1]。本系統は 4 科 29 属を含む多様な系統群ですが、約 1.3 Mbp という非常に小さなゲノムを持ち、コアゲノムの大部分が系統内で保存されています [2]。その一方で、ゲノム上には同種株間でも大きく異なる遺伝子群をコードする「集団内多様性の高いゲノム領域 (可変領域)」が複数存在しており [3]、SAR11 の環境適応に重要な役割を果たしていると考えられています。

私はこれまで、SAR11 が持つ遺伝子機能をバイオインフォマティクス解析によって網羅的に予測し、本系統の生態について考察してきました。その過程で、これまで SAR11 ではほとんど存在しないと考えられてきた「ウイルス防御遺伝子群」が、系統内に散発的に存在することを明らかにしました。さらに、SAR11 の培養株や Single-amplified genomes (SAG) と比較して、Metagenome-assembled genomes (MAG) ではウイルス防御遺伝子の存在が過小評価されていることも示しました [4]。私はこの結果に着目し、SAR11 の可変領域にウイルス防御遺伝子が存在することで、MAG 構築時のアセンブリの過程で脱落しやすく、その存在が過小評価されてきたのではないかと考えました。そこで本研究では、SAR11 培養株ゲノム上におけるウイルス防御遺伝子の位置と、その周辺ゲノム領域の特徴を解析しました。

まず、可変領域の位置を特定するために、海洋 SAR11 培養株ゲノム 88 個をリファレンスとして、配列類似性がやや低いリードを許容する条件で外洋由来メタゲノムショートリードをマッピングしました。その結果、既知のウイルス防御遺伝子は、リードデプスが平均値を大きく下回るゲノム領域にのみ存在していることが明らかとなりました (図 1)。これは、SAR11 のウイルス防御機構が、可変領域に局在していることを示しています。

次に、可変領域およびその周辺配列の情報を拡充するため、リファレンスゲノムへ外洋由来 HiFi リードをマッピングし、部分的にマップされたリードや長いインサクションを含む約 6.7 万リードを収集しました。さらに、これらのリードと 2,217 個の公共 SAR11 SAGs を組み合わせて探索を行った結果、計 732 個のウイルス防御機構を検出することに成功しました。これらのうち 8 種類は、SAR11 系統では未報告の防御機構でした。この結果は、SAR11 系統がこれまで想定されていた以上に多様なウイルス防御機構を保持することで、ウイルス感染を防いでいる可能性を示唆しています。

これらのウイルス防御遺伝子と関連する遺伝子を調べるため、各ウイルス防御遺伝子について、近傍にコードされる遺伝子との共起解析を行いました。その結果、一部のウイルス防御機構は、可動遺伝因子に関連する遺伝子と共起的に存在することが明らかとなりました。さらに、既知のウイルス防御機構とドメイン構成が部分的に異なる、新規ウイルス防御機構の候補となる配列群も検出されました。以上の結果から、SAR11 系統では、ゲノム上の可変領域がウイルス防御機構の保持や多様化を支える基盤として機能している可能性が示されました。

最後となりましたが、このたびは素晴らしい賞をいただき、誠にありがとうございます。ポスターセッションでは、多くの方々とお酒を交えながら活発な議論を行うことができ、大変刺激的な時間となりました。年会長の布浦先生をはじめ、学会関係者の皆さま、そしてポスター発表に足を運んでくださった皆さまに、心より御礼申し上げます。また、素晴らしい研究環境と機会を提供してくださっている吉澤晋先生 (写真左)、研究の進め方や考え方について多大なご指導を賜っている富永賢人博士 (写真右)、西村祐貴博士に、深く感謝申し上げます。

引用文献

- [1] Morris et al., *Nature*, 420 (6917): 806–810 (2002)
- [2] Grote et al., *mBio*, 18;3(5):e00252-12 (2012)
- [3] Rodriguez-Valera et al., *Nat Rev Microbiol.*, 7(11):828–836 (2009)
- [4] Nishino et al., *bioRxiv* (2025)

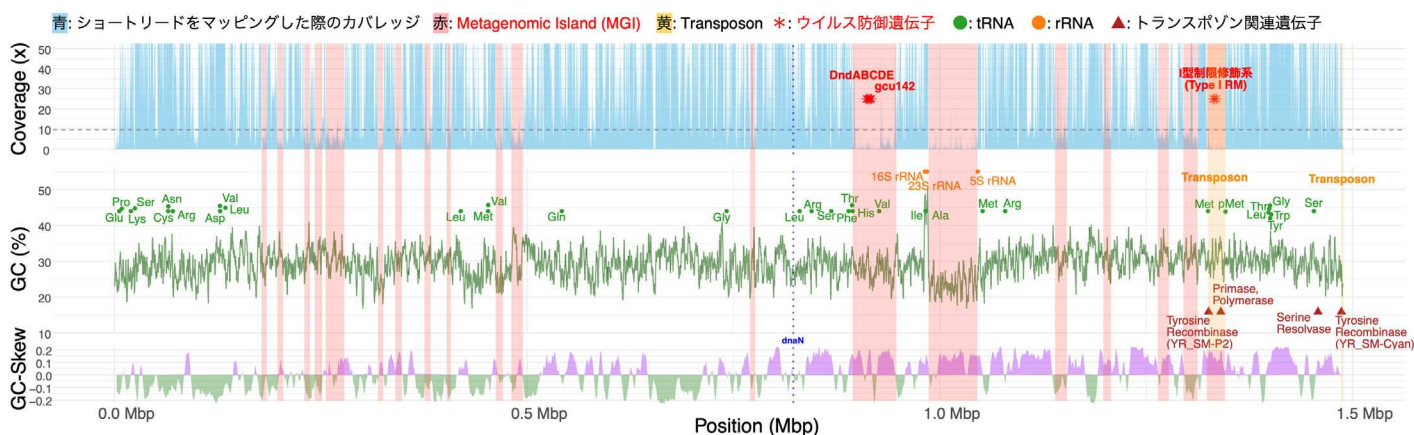


図 1. リードマッピング結果の例 (Ca. Undatipelagibacter sp. HIMB1597 strain)

宿主免疫に対する防御機構を調節する大腸菌転写因子 YhjC のゲノム転写制御ネットワーク

吉田光貴

明治大学大学院 農学研究科

この度は、第20回年会において優秀ポスター賞を頂き、大変光栄に思っております。昨年に続き2回目の参加となりましたが、本学会は専門家の先生方と活発な議論を交わすことができ、多くの刺激を受ける非常に魅力的な場であると感じております。また、ポスター発表にて御議論くださった皆様



筆者と島田友裕先生

に、この場を借りて心より感謝申し上げます。

私は、腸内細菌が宿主の健康状態に影響を与える「腸内細菌と宿主の関係性」に興味を持っています。このような複雑な相互作用を理解するためには、微生物の腸内適応機構を明らかにする必要がありますと考えています。しかし、主要な腸内細菌である大腸菌においても、その詳細は十分に解明されていません。そこで私は、モデル微生物である大腸菌を用いて腸内適応機構の解明に取り組んでいます。当研究室では、転写因子のゲノム上の結合領域を網羅的に解析できる Genomic SELEX 法を用いて、大腸菌における転写制御ネットワークの解明に取り組んでいます。その一環で、機能未知転写因子 YhjC が、宿主由来の免疫物質である抗菌ペプチドや補体への耐性に関与する遺伝子群を制御する可能性を見出しました。この結果から、YhjC は宿主腸内での生存や環境適応に関与する転写因子であると考え、その役割の解明を進めました。

まず、YhjC の誘導により、ヒト血清および抗菌ペプチドに対する耐性の向上が確認されました。さらに、腸内環境で想定され

る各種ストレスに対する影響を解析した結果、YhjC 誘導株は高濃度の過酸化水素に対して高い耐性を示しました。過酸化水素は腸内で他の細菌によって産生されるストレス因子であることから、腸内で同時に存在すると考えられる抗菌ペプチドとの複合ストレス条件下で生存率を評価したところ、YhjC 誘導株では生存率の上昇が確認されました。これらの結果から、YhjC は腸内環境のような複合的ストレス環境下での生存に関与する可能性が示されました。

YhjC は、サルモネラ菌や赤痢菌などの病原性細菌において、毒性発現に関与することが報告されています。さらに、YhjC は腸内細菌科に広く保存されていることから、本研究で明らかとなった機能は、病原性の有無を問わず共通した腸内適応機構である可能性が示唆されます。また、病原性細菌における腸内定着や感染成立に重要な役割を果たしていることが考えられます。今後は、マウスを宿主モデルとした検証を行い、実際の腸内環境における YhjC の役割をさらに明らかにしていきたいと考えています。

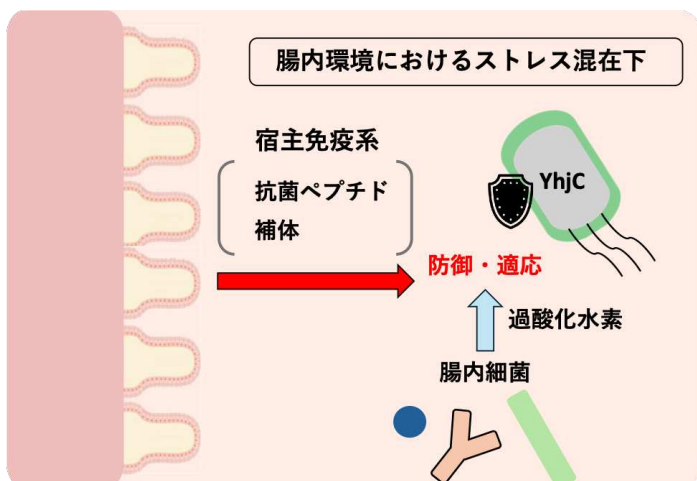


図 大腸菌転写因子 YhjC の機能仮説

大腸菌 K-12 株の炭素源代謝を切り替える新規転写因子 YheO の役割の解明

明尾 結菜

明治大学大学院 農学研究科 農芸化学専攻

この度は第20回年会で栄誉ある賞を頂き、大変嬉しく思っております。発表で御議論くださった皆様、また本大会を運営してくださった皆様に、深く御礼申し上げます。



私は、明治大学農学部・ゲノム微生物学研究室（島田友裕教授）に所属しています。当研究室は、大腸菌をモデル生物として、生物がゲノムを利用する仕組みの理解・応用を目指しています。その一環で、転写因子のゲノム上の標的遺伝子群を網羅的かつ直接的に同定することができる Genomic SELEX 法を用いて、個々の転写因子のゲノム転写制御における役割を明らかにしてきました。

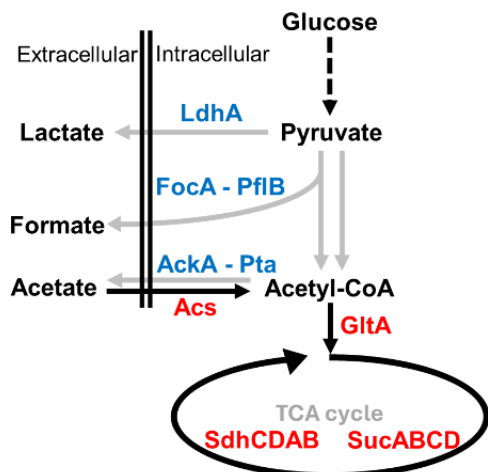
本研究では、大腸菌の機能未知な推定転写因子 YheO を研究対象としています。Genomic SELEX 法を用いて YheO を解析したところ、乳酸デヒドロゲナーゼやクエン酸シンターゼなどの炭素源代謝酵素、また、リポ酸やチアミンなどの補酵素合成酵素、をコードする遺伝子群のプロモーターに結合することを見出しました。

これまでに、Promoter assay や RT-qPCR 解析などを用いて、

異なる炭素源培地における *yheO* 欠損の影響を解析しました。その結果、YheO は中心炭素源代謝経路から炭素源を排出させる経路を抑制化し、炭素源を流入させる経路を活性化すること、また、ピルビン酸より上流の炭素源培地において転写制御の影響がなくなることが分かりました（図）。これに加え、培地中の有機酸濃度を測定したところ、*yheO* 欠損株では野生株よりも高濃度の乳酸が測定されました。さらに、YheO のエフェクターを探索したところ、試験管内においてリポ酸濃度依存的に YheO の DNA 結合能が低下することを見出しました。リポ酸は大腸菌の細胞内において、ピルビン酸デヒドロゲナーゼ複合体や 2-オキソグルタル酸デヒドロゲナーゼ複合体の E2 サブユニットに結合して存在しています。これらのことから YheO の役割は、炭素源にตอบสนองした E2 上リポ酸の状態を感知して炭素源の排出と流入を切り替えること、と考えています。

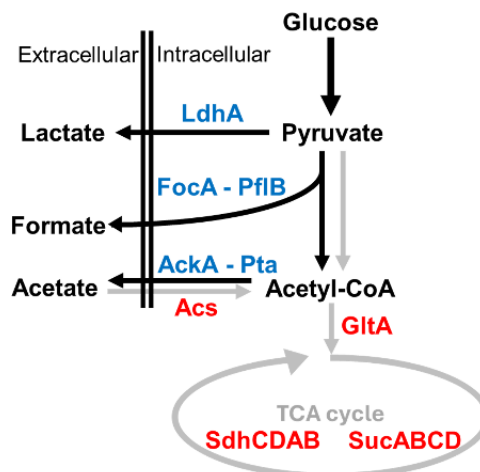
今後は、YheO と E2 サブユニットとの相互作用解析を中心に、分子機構を明らかにしていきたいと考えています。

Carbon-Limited = YheO in active form



- Repression of carbon Efflux
- Activation of carbon Influx

Carbon-Excess = YheO in inactive form



- Derepression of carbon Efflux
- Deactivation of carbon Influx

図 予想される YheO の転写制御機構

単細胞性紅藻 *Cyanidioschyzon melorae* において利用可能なプラスミドベクターの開発

大宮 なつみ

東京農業大学大学院 生命科学研究科

バイオサイエンス専攻

この度、第20回年会において優秀ポスター賞を賜り、大変光栄に思っております。初めてのポスター発表ということもあり緊張もありましたが、このように評価をいただけたことを大変嬉しく感じております。また、発表を通してさまざまな大学の先生方や学生の皆様から貴重なご助言やご意見をいただき、大変勉強になりました。発表をご覧くださった皆様、ならびに大会運営に携わってくださった先生方に、心より感謝申し上げます。

私が実験材料として使用している *Cyanidioschyzon melorae* (以下、シズン) と *Cyanidiococcus yangmingshanensis* (以下、シアニディオコッカス) は単細胞性真核紅藻でイデユコゴメ綱に属しています。イデユコゴメ綱に属する株の多くは酸性・高温の温泉のような極限環境に生育しています。シズンは単純な細胞構造を持ち、全ゲノムが解読済みであること、形質転換系が確立されていることから植物のモデル生物として研究が行われてきました。しかし、シズンでの形質転換は染色体組み込み型でしか行われておらず、プラスミドとして自律的に複製・維持する系は確立されていません。

そこで本研究ではシズンにおいて利用可能なプラスミドベクターの開発を目的として実験を進めてきました。シズンと同じ真核生物である出芽酵母ではARS (Autonomously Replicating Sequence) と呼ばれる自律複製領域が存在し、これが酵母の遺伝学を支えてきたことから、シズンでもARS候補領域を同定し、細胞内で自律複製するARSプラスミドを作製しようと考えました。

ARSの同定にはマラリア原虫で複製開始点を見つけた実績のあるORIsと呼ばれる予測プログラムを使用しました(1)。原核生物のDNA複製研究では、ゲノム上のグアニン(G)の割合に着目した、GC-skewの変動が大きい領域に複製開始点があるとされています。一般的に配列的特徴に着目した解析は、ゲノム全体を同じ長さのWindowに分割し、Windowごとに特性を算出します。ORIsでも同様の解析を実施しました。隣接したWindowには任意の重複範囲 (increment) が設定され、①統計学の自己相関関数を応用したアルゴリズム解析と②出芽酵母ARSに保存されたACS配列の検索の2つから複製開始点を算出しました。①ではWindow内のグアニンの出現率や出現パターンを数値として算出し、この数値をCG (correlation genome) としました。②では各Window内に含まれるACS配列 (5'-WTTTAYRTTTW-3') の個数を検出しました。完全に保存されているACS配列だけでなくミスマッチ塩基を持つ配列も検出しました。

二つの方法を組み合わせると変動領域の探索を行いました。完全に保存されているACS配列だけでなくミスマッチ塩基を持つ配列も検出しました。

二つの方法を組み合わせると変動領域の探索を行いました。完全に保存されているACS配列だけでなくミスマッチ塩基を持つ配列も検出しました。

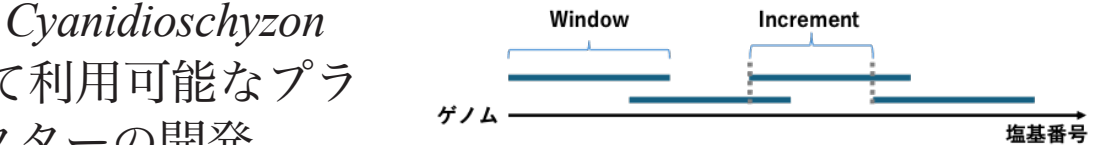


図1 Window と重複した範囲

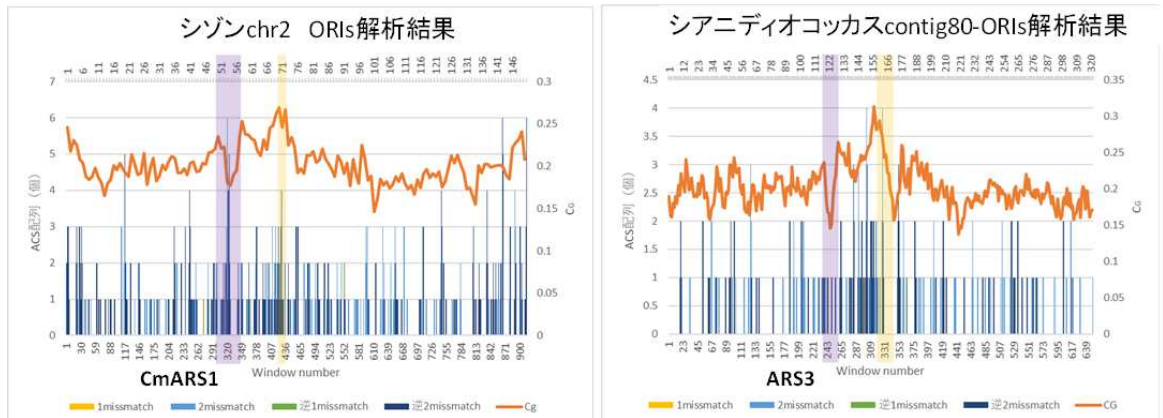
ありました。シズンでは組み換え活性が高く、シズン由来ARS候補領域を挿入した自律複製プラスミドをシズンに導入するとゲノムへのインテグレーションが起きてしまう可能性がありました。そこで、シズンと近縁かつ異なる配列をもつシアニディオコッカスのゲノムを利用することにしました。シアニディオコッカスのドラフトゲノムから3領域 (ARS1~3) を候補として選定しました。これらを挿入したプラスミドをシズンに形質転換し、自律複製活性を評価した結果、ARS3を含むプラスミドがゲノムへのインテグレーションせず、プラスミドとして維持されることが示されました。

さらに、このARS3プラスミドを基盤として、硝酸塩に応答するNR(Nitrate reductase)プロモーターの下流にGFPを配置し、誘導レポーター系を構築しました(2)。GFPの蛍光を観察したところ、アンモニウム培地では発現が抑制され、硝酸塩培地への切り替え後にGFP蛍光が検出され、ARS3を用いたプラスミドはシズンにおいて自律複製活性を示し、外来遺伝子の誘導発現が可能なベクターとして利用できることが示されました。一方、近年シアニディオコッカスでも形質転換系が確立されたため(3)、シアニディオコッカスでも利用可能なプラスミドベクターの構築を試みました。同様のアプローチにより、シズン2番染色体上のGC含量の変動領域1.5 kbpを抜き出し、プラスミドベクターを構築しました。これをシアニディオコッカスの1倍体に導入したところプレートにコロニーを観察することが出来ました。この結果より、当該領域はシズンの複製開始点の1つであり、複製活性の高い領域であることが示唆されました。今後はシズン染色体上に存在する他のARS候補領域を探索し、形質転換効率を比較していくことで複製活性に必要な最小単位の配列を同定したいと考えています。

最後に、本研究においてお世話になりました田中寛先生(東京科学大学)、シアニディオコッカス1倍体をご提供いただいた廣岡俊亮先生、宮城島進也先生(国立遺伝学研究所)、この研究の礎を築いた東京農業大学の吉川佳奈子さん、坂本和貴さん、勝又愛美さん、そして最後に日々指導いただいた渡辺智先生、皆様にこの場を借りて深くお礼申し上げます。

引用文献

- (1)Fu-Ying D et al., *Frontiers in Genetics*, 9:610 (2018)
- (2)Fujiwara T et al., *Frontiers in Plant Science*, 6:657 (2015)
- (3)Hirooka S et al., *Plant Cell* (2026) *in press*.



変動領域①: Window number 50~58(150000~174000塩基目)
セントロメア: 212027~214294 塩基目

変動領域①: Window number 117~129(117000~129000)
セントロメア: 完全に決定されていないが、Cgを参考にすると Window number156~171

図2 変動領域のグラフ

スピルリナ強光培養時に確認された好アルカリ性細菌の孢子形成・発芽に関する研究

立入 玲奈

東京農業大学 生命科学部 バイオサイエンス学科

この度は、第20回年会において優秀ポスター賞を賜り、大変光栄に思っております。学会に参加したのは今回の日本ゲノム微生物学会が初めてでしたが、若手研究者を積極的に育成しようという学会の雰囲気や、ゲノムという大きなテーマの元で行われる様々な生物研究者との活発的な議論によって、私の今までの考えをより広げ、より深められる、とても実りの多い三日間を過ごさせていただきました。魅力溢れる本学会で、このような評価をいただけたことを嬉しく思います。年会の運営にご尽力くださった全ての方々、本研究に興味を寄せてくださり、議論・ご助言をいただいた皆様に深く感謝申し上げます。



一部の細菌は、自身の増殖に必要な栄養素が周辺環境から減少した際に、孢子を形成します。一方で、孢子は増殖に必要な栄養素が十分に存在する状況では特定のアミノ酸を感知して発芽し、増殖期へと戻ります。このような孢子の形成と発芽のメカニズムは枯草菌 (*Bacillus subtilis*) を用いて研究されてきましたが、*firmicutes* 門全体を通して見ると、これらのメカニズムや発芽に関わる因子については未だ、未解明な点が多く存在します。

Alkalihalophilus pseudofirmus TUA1 は、当研究グループにより見出された好アルカリ性細菌であり、藍藻の一種であるスピルリナ (*Arthrospira platensis*) を強光培養した際に生じた細胞塊より単離されました。これまでの研究から、*A. pseudofirmus* TUA1 は孢子としてスピルリナと共存しており、強光照射後に破損したスピルリナ細胞から漏出した成分を利用して発芽するという仮説が立てられました。本研究では、*A. pseudofirmus* TUA1 における発芽因子の探索を行いました。始めに、バチルス属の代表的な発芽因子として知られているアミノ酸が発芽に関与するか調べるために、スピルリナ用の SOT 培地にカザミノ酸 (アミノ酸とペプチドの混合物) を添加して培養し、*A. pseudofirmus* TUA1 の発芽への影響を観察しました。その結果、好アルカリ性従属栄養細菌用の AONO 培地よりも顕著な増殖が観察されたため、*A. pseudofirmus* TUA1 孢子はアミノ酸を発芽とその後の増殖に利用している可能性が考えられました。

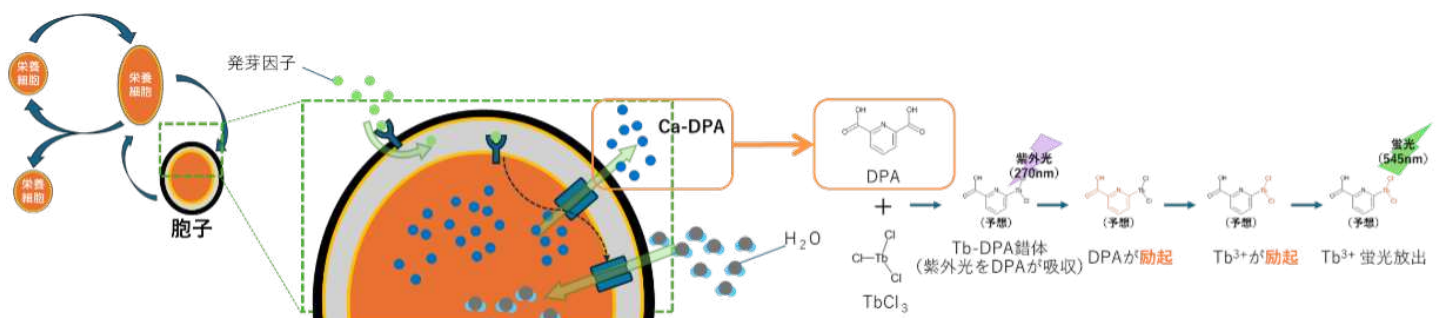


図1 DPA 蛍光による孢子発芽の評価

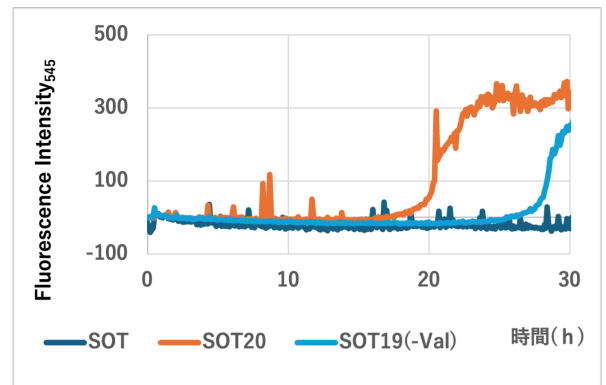


図2 DPA 測定結果

そこで、どのアミノ酸が孢子の発芽に関与しているのかを明らかにするために、各種アミノ酸を添加した培地で培養し、調べました。その結果、主要なアミノ酸20種の内10種、特にバリン (Val) が *A. pseudofirmus* TUA1 の孢子の発芽・増殖に関与している可能性が示唆されました。

発芽に関わるアミノ酸を絞り込むことができたため、これまでの吸光度の上昇が発芽によるものかどうか調べるために、ジピコリン酸 (DPA) の測定を行いました。DPA とは孢子形成後期において孢子内部特異的に合成され、発芽と共に培養液中に放出される物質です。DPA は塩化テルビウム存在下で錯体を形成しますが、錯体を 270 nm の波長で励起すると 545 nm の蛍光を発します (図1)。この原理に基づき *A. pseudofirmus* TUA1 の孢子の発芽を観察しました。20種アミノ酸を含む培地と20種アミノ酸から推定発芽因子を除いた培地それぞれに塩化テルビウムと孢子を添加後、37 °C で培養し錯体が発する蛍光を観測しました。その結果、推定発芽因子である Val を除いた培地 (SOT19(-Val)) では、20種アミノ酸全てを入れた培地 (SOT20) と比較して、545 nm 蛍光の上昇タイミングが著しく遅延しました (図2)。これらの結果より、*A. pseudofirmus* TUA1 は、Val をはじめとしたアミノ酸を発芽因子として利用していることが示されました。

発芽に関する研究が活発に行われている枯草菌において、発芽は発芽因子とそれぞれに対応する発芽受容体 (GRs) との相互作用から始まります。その後、DPA の放出や cortex の加水分解が起こり、孢子コアが完全に水和されることで発芽が完了します。起点となる発芽受容体をコードする遺伝子領域が存在するかどうか *A. pseudofirmus* TUA1 のゲノムを解析したところ、発芽受容体に相同な配列が見出されました。一般にバチルス属は、アミノ酸以外にも様々な物質を発芽に利用することが報告されています。今後、*A. pseudofirmus* TUA1 の発芽受容体を詳細に調べていくことで *A. pseudofirmus* TUA1 の発芽因子の全容が解明できると考えています。

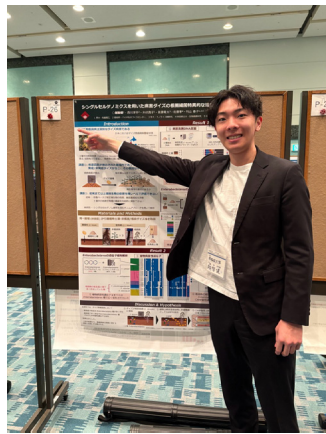
最後に、スピルリナ強光培養後に漏出した成分の解析にご協力いただいた浦井誠先生、本研究において多くのご助言をいただいた朝井計先生、孢子形成などの様々な実験手技を教えてくださいました須田和奏さん、本研究の礎を築いた駒形遥さん、そして日々ご指導いただいた渡辺智先生、皆様にこの場を借りて厚く御礼申し上げます。

シングルセルゲノミクスを用いた病害ダイズの根圏細菌特異的な遺伝子保有解析

越智 健

早稲田大学大学院 生命医科学専攻

この度は、第20回日本ゲノム微生物学会にて優秀ポスター賞に選出いただき、誠にありがとうございます。本学会への参加は今回が初めてでしたが、ポスター発表では多くの研究者の方々と活発に議論をさせていただきました。微生物ゲノム解析という同じ分野においても、研究者によって着眼点や手法が異なることを肌で感じる事ができ、大変充実した3日間となりました。発表を聞いてくださった皆様、および大会を運営して下さった先生方に心より御礼申し上げます。



私が所属する早稲田大学 竹山春子研究室では、内閣府が推進するムーンショット型農林水産研究開発事業の一環として、土壤微生物叢と植物の生育に関する研究を行っています。土壤微生物と植物の関係においては、生育促進機能を持つ細菌を用いて植物の収量増加を目指す研究が多くを占めますが、私は植物の収量損失をもたらす「病害」に着目し、植物-微生物間の相互作用を明らかにする研究に取り組んでいます。

ダイズは主要作物の中でも特に病害による収量損失が大きく [1]、その一つであるダイズ黒根腐病は、東北地方を中心に日本全国で蔓延が確認されている深刻な真菌性病害で、最大50%の収量低下をもたらします [2]。原因となる病原真菌 (*Calonectria ilicicola*) は特定されており、その検出技術もすでに確立されて

いますが、同一圃場内でも病害・非病害ダイズが毎年異なる場所にスポット状に発生することから、病原真菌以外の要因の関与が示唆されてきました。この要因を明らかにするために、土壤中の微生物ごとの働きを包括的に捉える必要がありましたが、これまでの土壤細菌叢解析は系統組成の把握や土壤全体の機能評価に留まっており、細菌種ごとの包括的な機能評価は困難でした。

そこで本研究では、同一圃場内の発症・非発症ダイズの根表面土壌を採取し、シングルセル解析・メタゲノム解析により、ダイズ黒根腐病土壌における細菌叢の特徴を種レベルで解明しました。qPCRで病原真菌の存在を確認したダイズの16S rDNA解析から、黒根腐病ダイズの根表面土壌では *Enterobacterales* 目細菌の相対存在量が増加することが明らかになりました。さらに、同土壌から6種の *Enterobacterales* 目細菌シングルセルゲノムを取得し、ショットガンメタゲノムのマッピングにより種レベルの存在量を計算した結果、特定の3種のみが根表面で増加していることが明らかになりました。また、遺伝子保有解析により、すべての *Enterobacterales* 目細菌が植物病原性遺伝子を保有していた一方で、根表面で増加していた種だけがカチオン性抗菌ペプチド耐性遺伝子 (*dlt* 遺伝子) を保有することが明らかになりました。 [図1]

植物は、病原菌への防御応答として根からカチオン性抗菌ペプチドを放出することが知られており [3]、今回の結果は、*dlt* 遺伝子を持つ特定の *Enterobacterales* 種のみが根表面で日和見的に増加し、病症の悪化に寄与している可能性を示すものです。本研究は、原因菌がすでに特定されている土壤病害においても、シングルセルゲノム解析のような個々の細菌の機能を評価できる手法で土壤細菌叢全体を捉えることの重要性を示す結果となりました。

最後に、本研究を進めるにあたりご指導いただきました竹山春子教授、佐藤孝教授、西川洋平主任研究員、木伏真子博士に、この場をお借りして深く御礼申し上げます。

引用文献

- [1] Savary S. et al., *Nat. Ecol. Evol.*, 3: 430-439 (2019)
 [2] Berner D.K. et al., *Appl. Agri. Res.*, 3: 160-166 (1988)
 [3] Li J. et al., *Bot. Stud.*, 62:5 (2021)
 [本研究の bioRxiv 投稿] Takeru O. et al., *bioRxiv*, (2026)

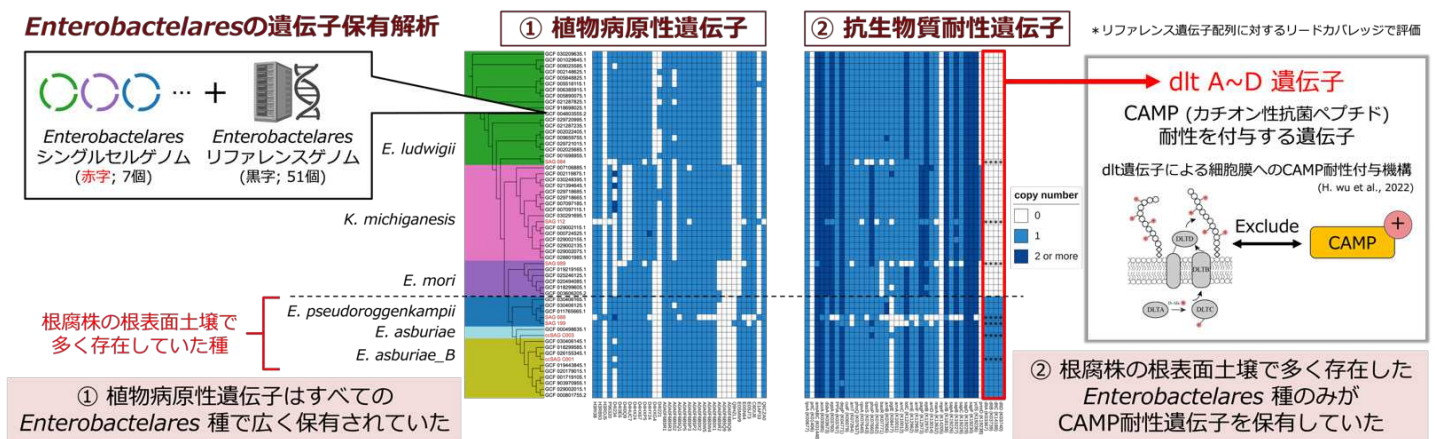


図1 各 Enterobacterales ゲノムの遺伝子保有解析 (根腐病根表面で増加していた下3種のみが *dlt* 遺伝子を保有)

Comparative Shotgun Metagenomic Analysis of Urban Subway Surface Microbiomes in the Greater Tokyo Area

高欣欣 (Gao Xinxin)

慶應義塾大学大学院 政策・メディア研究科

この度は、第20回日本ゲノム微生物学会年会において優秀ポスター賞に選んでいただき、誠にありがとうございます。私たちの発表を聞いてくださった皆様、貴重なご意見をくださった皆様、また大会を運営してくださった皆様に、この場を借りて深く感謝申し上げます。

都市の地下鉄や駅は、多くの人々が日常的に利用する高頻度接触環境であり、人の移動、表面への接触、周囲の環境条件が重なり合う場所です。都市の人工環境表面には、それぞれ異なる利用状況や環境曝露があり、そこに存在する微生物群集も、表面タイプや地域、季節、温湿度などによって異なる可能性があります。しかし、日本の都市建築環境において、複数の地点や表面タイプを対象に、微生物群集の違いやその形成要因を比較した研究はまだ限られています。

本研究では、大東京圏の都市交通環境における表面微生物群集の分類学的組成と、その形成に関わる環境要因を明らかにすることを目的としました。2021年から2024年にかけて、東京都内の人工環境表面から合計86サンプルを採取し、ショットガンメタゲノム解析を行いました。

解析では、まずfastpを用いてシーケンスデータの品質管理を行い、MetaPhlan4により微生物群集の分類学的組成を推定しました。さらに、Bray-Curtis距離に基づく多様性解析を行い、表面タイプや地点間での群集構造の違いを比較しました。また、FEASTやSourceTracker2を用いて微生物群集の由来推定を行

い、RDA解析により温度や湿度などの環境変数との関連を検討しました。

その結果、微生物群集の α 多様性および β 多様性は、表面タイプによって異なる傾向を示しました。また、温度や湿度などの環境要因が群集構造の変動に関与している可能性も示されました。さらに、表面タイプによって、人との接触に関連すると考えられる分類群や、屋外環境・土壌などに由来すると考えられる分類群の検出傾向に違いが見られました。これらの結果から、人との接触と環境曝露の両方が、都市表面微生物群集の形成に関与していることが示唆されました。地域間の比較においても、微生物群集の由来や構成に違いが見られました。このことは、同じ都市交通環境であっても、周辺環境や利用状況の違いによって、表面微生物群集が変化する可能性を示しています。

本研究で特に難しかった点は、都市環境サンプルの解釈です。都市の表面微生物群集は、人流、表面材質、清掃状況、採取時期、温度、湿度など、さまざまな要因の影響を受ける可能性があります。そのため、シーケンスデータだけでなく、サンプリング時の環境情報も踏まえて慎重に結果を解釈することが重要でした。

今後は、より多くの地点や時点を対象とした解析に加え、人流量、温度、湿度、CO₂濃度などの環境データとの関連をさらに詳しく検討したいと考えています。また、分類学的組成だけでなく、機能遺伝子や抗菌薬耐性遺伝子の解析も組み合わせることで、都市環境と公衆衛生の関係について、より多面的に理解していきたいと考えています。

最後になりますが、本研究を進めるにあたり、日頃よりご指導いただいている鈴木治夫先生に深く感謝申し上げます。また、共同研究者の皆さま、サンプリングにご協力いただいた皆さま、研究に関して助言をくださった皆さまに心より感謝申し上げます。



左から杜佳美（環境情報学部 B4）、高欣欣（政策・メディア研究科 M2）、鈴木治夫先生

深海底熱水孔由来好熱性細菌 *Nitrosophilus labii* は自然形質転換 能を持つか? : 比較ゲノム解析 と実験的検証

土屋 地郎

北海道大学大学院 水産科学院

この度は第20回日本ゲノム微生物学会年會において大変栄誉ある賞をいただき、誠にありがとうございます。発表を聞きに来ていただいた方々、貴重なご質問・コメントをいただいた方々、懇親会や若手セミナーで初対面ながら親身に今後の研究者人生の相談に乗っていただいた方々、など本會でお会いした全ての方々にこの場を借りて心より感謝申し上げます。ゲノム微生物学会に参加するのは今回が初めてでしたが、とても勉強になる発表が多く、良い刺激をたくさんいただくことができました。今後も引き続き参加していきたいと思っています。また、私はちょうど2026年3月に博士課程を修了したため、本学会が博士課程最後の学会発表でした。賞とは無縁の博士課程でしたが最後の最後に受賞することができ、純粋に嬉しく思います。



我々の研究室では、深海底熱水孔環境における一次生産者として普遍的に優占する *Campylobacter* 綱細菌を対象に、その生理・生態学的機能や多様性の解明を進めています。中でも注目しているのが、本研究室で沖縄トラフの深海底熱水孔環境から分離した好熱性細菌 *Nitrosophilus labii* HRV44^T 株です。本株の特筆すべき性状として、第3の温室効果ガスかつ強力なオゾン層破壊物質である亜酸化窒素 (N₂O) を、近縁種よりも高い効率で無害な分子状窒素 (N₂) へと還元する能力を有することが挙げられます

[1]。さらに、本株は CO₂ を炭素源として利用するため、高温条件下 (> 50°C) における2つの温室効果ガスの同時除去に資する有望な微生物資源であると捉えています。私は、「なぜ HRV44^T 株は強力な N₂O 還元能を示すことができるのか?」という問いの解明に向け、本株のトランスクリプトームに着目し研究を進めてきました。RNA-Seq 解析を通じて HRV44^T 株の N₂O 還元能を規定すると考えられる転写制御因子や電子伝達タンパク質を見いだししました [2]。しかしながら、熱水孔 *Campylobacteria* では遺伝子操作系が確立されておらず、RNA-Seq 解析から得られた知見を実験的に検証することが困難です。そのため、私は博士課程において、HRV44^T 株の遺伝子操作系の確立にも取り組んできました。本株の遺伝子操作系を検討する過程で、HRV44^T 株のゲノム特性として、染色体内の transposase に関連するタンパク質やゲノムアイランドの数が近縁種よりも多く、一方、プロファージ由来のタンパク質が予測されないことを見いだししました。このことから、HRV44^T 株は、能動的に外来 DNA を獲得するシステムを有する、と考え、自然形質転換による遺伝子操作について検証しました。その結果、HRV44^T 株では自然形質転換を利用して、標的遺伝子を抗生物質耐性遺伝子へ置換することが可能であることを明らかにしました。この結果は、熱水孔 *Campylobacteria* において自然形質転換に起因する相同組換えを利用した遺伝子操作が可能であることを示した初の報告になります。組換え株のスクリーニング系は未確立のため、遺伝子機能解析を実施するにはまだまだ道半ばですが、本発表時にいただいたアドバイスをもとに組換え株の選抜を達成したいと思います。また、将来は、本研究から得られた知見を活用することで熱水孔 *Campylobacteria* の代謝改変も実現し、本細菌群を基盤とした応用研究が飛躍的に展開されることも期待しています。

最後に、本研究の遂行にあたりご指導・ご鞭撻を賜りました北海道大学水産科学研究院・美野さやか先生、澤辺智雄先生、および研究室の仲間たちにこの場をお借りして深く感謝申し上げます。

引用文献

- [1] Fukushi et al., *iScience*, 23:101462 (2020)
[2] Tsuchiya et al., *iScience*, 27:111074 (2024)

若手の会・第18回研究会の案内

世話人代表 富永賢人

東京大学 大学院新領域創成科学研究科 自然環境学専攻

若手の会では、若手研究者同士の交流と情報交換を目的として毎年宿泊型の研究会を開催しています。2026年度の第18回研究会は9月21日～22日に熱海にて開催予定です。会場へは新幹線駅から送迎バスも運行予定で、アクセスしやすい環境となっています。また、招待講演として長浜バイオ大学の石川聖人先生、名古屋大学の上坂一馬先生にご講演いただく予定です。

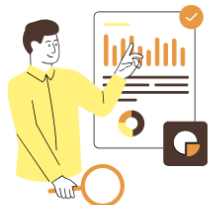
例年に引き続き、研究発表だけでなく参加者同士でじっくり議論や交流ができる時間を多く設けています。加えて、夕食時のバーベキューなど、より気軽に交流を深められる企画も予定しています。

参加費などの詳細は今後順次、若手の会ホームページやXアカウント、学会メーリングリストにてご案内いたします。できるだけ参加しやすい金額設定となるよう努めてまいります。参加登録は案内画像内のQRコードまたは若手の会ホームページからお申し込みいただけます。

世話人一同、皆さまのご参加を心よりお待ちしております。

第18回 ゲノム微生物若手の会 研究会

@ 熱海 伊豆山研修センター



9/21 月祝 ▶ 9/22 火祝



招待講演：石川 聖人 博士（長浜バイオ大学・准教授）
上坂 一馬 博士（名古屋大学・研究員）

参加登録



研究発表の他に参加者同士でじっくり議論・交流できる時間を多く設けます。
夕食時のバーベキューなどより気軽に交流を深められる企画も予定しています。
多くの皆さまのご参加を心よりお待ちしております。

第18回研究会案内（QRコードから、または、[ここから参加登録](#)）

Journal of General and Applied Microbiology (JGAM)

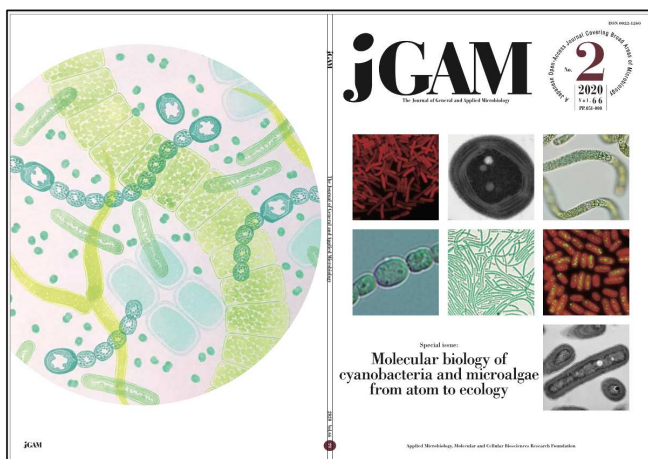
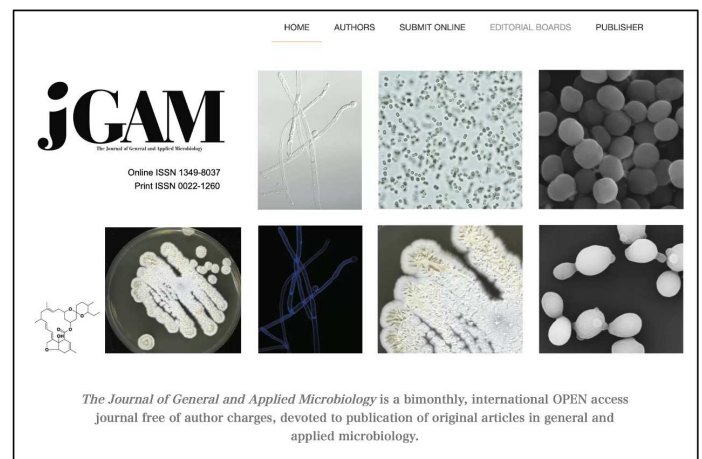
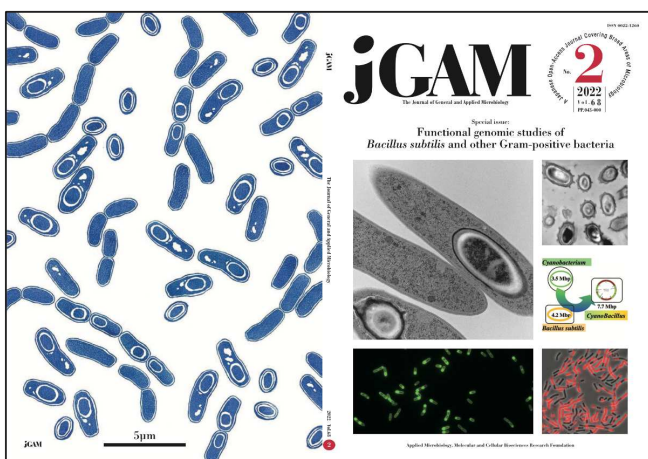
雑誌の紹介と連携のお願い

JGAM 編集委員長 田中 寛

Journal of General and Applied Microbiology (JGAM) は1955年に日本国内で創刊された英文国際学術誌です。2026年現在、第72巻を数え、隔月発行で基礎から応用まで、微生物学における新規の発見や機能解明に関する内容を広く刊行してきました。現在、公益財団法人・応用微生物学・分子細胞生物学研究奨励会の支援の下、原則無料で審査・掲載、さらにオープンアクセスを実現しています。

< JGAM の歴史 >

各学問領域に分拠した微生物研究諸分野を統合する拠点として1953年、坂口謹一郎教授の主導のもと東京大学弥生キャンパス内に応用微生物研究所（応微研）が設置されました。この設置の経緯に関しては初代所長・坂口教授の文章が残っており、文部省をはじめとする各省庁、さらに国連ユネスコでの有用微生物保存に関する決議など、さまざまな政策的な動きの中でなされたものです。その意義として、微生物を応用するためにいちばん必要な微生物の基礎的研究が不足しているのを、それを推進する研究所として、東大だけでなく国内の多くの大学や研究機関から著名な微生物研究者を結集して応微研が設置されたということになります。また、その当時の喫緊の課題であった微生物菌株の保存や配布の業務は当時の大学の研究事項には含めることができず、それら事業の実施のため、坂口研究室の資金により1953年に応微研附属の財団法人が（財）応用微生物学研究奨励会として設立されました。JGAMは、それまで存在しなかった国内初の微生物学英文誌として、この財団が発行元となり、1955年に応用微生物研究所の機関誌として創刊され、現在までこの財団（現在は公益法人・応用微生物学・分子細胞生物学研究奨励会に継承）の会員企業の支援のもとで発刊を続けています。

Special Issue: Cyanobacteria
vol 66 (2), 2020JGAM Homepage
<http://jgam.ammcb.info>Special Issue: G(+) bacteria
vol 68 (2), 2022

Recent Issue: vol 72 (1), 2025

< JGAM のこれまで >

JGAM の「G」、General は「応用」に対する「基礎」を意味すると雑誌設立の主旨にもあり、JGAM は基礎から応用まで広い範囲の微生物研究を扱ってきました。応微研設立からの経緯やその後の 70 年を経て、JGAM が主に扱う内容も変遷してきており、現在は分子系統学から分子生物学、生理学、合成生物学などを含む広い分野、ウイルスから細菌、アーキア、真核微生物まで微生物種を問わず、基礎から応用までの分野の論文を対象としています。過去には日本国内での微生物学上の重要な発見が数多く JGAM から出版されています。例えば、火落酸（メバロン酸）の発見（Gakuzo Tamura (1956) JGAM 2, 431-）、P1 ヌクレアーゼの発見（Akira Kuninaka (1957) JGAM 3, 55-）、グルタミン酸発酵菌の単離（Shukuro Kinoshita et al. (1957) JGAM 3, 193-）など、特に創刊当初には大きな発見に関する論文が多く出されました。最近では一般投稿による出版以外にも、国際学会や著名な研究者の退官等に合わせたモノグラフ・特集号の企画なども行なっています。

< JGAM への投稿のお願い >

正直なところ、現在、微生物学の専門誌の中でも JGAM はかなり地味な存在であり、その歴史から h-index が 63（引用数 63 以上の報文が累積 63 報）と相当に高いのと比較して、Impact Factor (IF) は 1.0 前後と低い状態が続いています。この数字は、JGAM が歴史的には、極めて重要な知見を報告してきた一方で、微生物研究を発表する雑誌として十分に認識されていない昨今の事情を反映しています。これは近年の国内外の関連分野雑誌の乱立や出版事業の商業化といった学術誌を取り巻く出版環境の激変もありますが、現在のアカデミアにおける IF への評価偏重や、研究費申請・研究者ポスト応募時の評価基準との関連付けにも原因があり、このままの状況では JGAM への投稿を促しにくい環境にあります。しかし、研究成果の発表にオープンアクセスが義務付けられるなどの動きの中、高 IF 誌では法外な掲載料が請求されるといった問題も生じています。せっかく獲得した研究費の多くを出版社に支払っている状況は、あまり好ましいとは言えず、このような状況を、少しでも変えていきたいと思っています。

JGAM は発行元財団の会員企業による支援のおかげで、投稿・審査、さらにオープンアクセス出版を原則無料で継続的に実現しています。一方で、上記のように近年では本雑誌の評価も不安定であり、国内外の微生物学コミュニティからの JGAM への投稿やエディターの推薦等を通じた支援を期待しています。本雑誌のメリットとしては、以下のようなことが挙げられるでしょう。

- 1) 掲載料無料のオープンアクセス出版が可能であること。
- 2) 国内の微生物学分野のエディターによる審査体制を確立していますので、投稿される皆様の身近な研究者もおられると思います（エディターの中には、ゲノム微生物学会会員もおられます）。これは投稿前や、さらに査読後のリビジョンに向けての相談でも大きなメリットであり、安心してご投稿いただけるはずです。
- 3) 特集号の企画やその他の出版企画、編集体制に至るまで、皆様からのご希望・ご相談があれば迅速かつ柔軟に対応することが可能です。
- 4) また、現在の出版状況として年間掲載論文数が 30 報以下ですので、引用数の期待できる論文が掲載されれば、それだけで IF を大きく引き上げることが可能です。

JGAM はこれまで特定の学協会との連携はありませんでしたが、日本ゲノム微生物学会をはじめとして、国内外の微生物学コミュニティからの支援・連携を必要としています。日本国内での歴史ある出版プラットフォームを、国内微生物学分野の発展にぜひ生かしていただきたいと思います。どうぞよろしく願いいたします。

JGAM ホームページ (<http://jgam.ammcb.info>)

J-STAGE JGAM 公開ホームページ (<https://www.jstage.jst.go.jp/browse/jgam>)

JGAM 投稿サイト (<https://mc.manuscriptcentral.com/jgam>)



第 20 回年会の総会でも、雑誌紹介をしていただきました。（編集委員撮影）

DNA Research 誌のご紹介

田畑哲之 (DNA Research 編集長 かずさ DNA 研究所)

はじめに

DNA Research 誌は、日本発の DNA 専門ジャーナルとして (公財) かずさ DNA 研究所により 1994 年に創刊されました。現在は、対象分野を広げて DNA・オミックス研究専門のオンライン完全オープンアクセスのジャーナルとして Oxford University Press から出版され、オリジナリティーが高く生命科学に貢献する研究論文を掲載しています (図 1)。本誌は、国際科学ジャーナルとしての基準を保ちながらも、国内研究者が海外に依存しない我が国発のジャーナルのメリットを感じられるよう柔軟な運営に努めてきました。本稿では、微生物ゲノム学会会員の皆様に DNA Research をより身近に感じていただけるよう、本誌の特徴や歴史をご紹介します。

The screenshot shows the homepage of the DNA Research journal. At the top, there is the Oxford Academic logo and a navigation bar with links for 'Issues', 'More Content', 'Submit', 'Purchase', 'Alerts', and 'About'. A search bar is located on the right side of the navigation bar. Below the navigation bar, the main content area is divided into several sections. On the left, there is a 'Latest Issue' section for Volume 33, Issue 2, published in April 2026. This section includes the journal's cover image and key metrics: a 2024 Impact Factor of 2.9 and a 2024 CiteScore of 7.2. Below these metrics, there are links for 'All metrics', 'Editor-in-Chief Satoshi Tabata', and 'Editorial Board'. In the center, there is an 'About the journal' section with a background image of a DNA double helix and a glowing lightbulb. The text describes the journal as an internationally peer-reviewed journal that publishes high-quality papers in broad aspects of DNA and genome-related research. On the right, there is an advertisement titled 'Why publish in DNA Research?' with a 'DISCOVER THE PERKS' button. The advertisement features a background image of a DNA double helix and a glowing lightbulb.

図 1 DNA Research 誌 <https://academic.oup.com/dnaresearch>

DNA Research の特徴

(1) 幅広いスコープ

DNA Research は、下記のように幅広い研究対象や研究領域をカバーしています。

- ・微生物、植物、動物、ヒトなど多様な生物種のゲノム構造や変異
- ・染色体とその微細構造の機能的役割
- ・ゲノム、エピゲノム、トランスクリプトーム、プロテオーム、メタボロームその他の包括的解析、および関連するデータベースの開発
- ・マルチオミックス解析によるゲノム機能解析
- ・ゲノム編集や合成生物学
- ・各種オミックス解析に関連する実験技術や情報解析用ツールの開発

(2) 迅速な審査と安価な掲載料

投稿論文は、DNA や各種オミックス研究、バイオインフォマティクスなど幅広い分野で著名な国内外 24 名の編集委員によって迅速に審査されます。論文投稿から初回判定までの平均日数は 16.5 日で、論文受理後はオンラインで直ちに公開されます。

論文掲載料は 1400US ドルで、他の同レベルの国際ジャーナルと比較してたいへん安価に設定しています。

(3) 目的に応じて 3 種類の論文タイプ

DNA Research には、内容や目的が異なる 3 種類のアーティクルがあります。

- ・リサーチ・アーティクル：生物学的に重要で、個々の研究分野での新しい発見を報告する
- ・レビュー・アーティクル：近年大きく発展した研究分野やトピックについて、建設的かつ刺激的な視点からの概観を提供する

さらに、多様な読者への情報提供の機能を強化するため、新たに「ミーティングレポート」を加える準備を進めています。

(4) 柔軟な編集方針

DNA Research は、第一線にある国際科学ジャーナルとして厳密なルールのもと投稿論文の審査を行なっています。その一方で、国内の研究成果を迅速かつ効果的に論文公開するため、様々な状況に可能な限り対応する我が国発ジャーナルの強みを活かした編集方針をとっています。編集長 (dnar-eic@kazusa.or.jp) または編集委員にお気軽にご相談ください。

DNA Research の歴史

1990 年代半ば、我が国のゲノム研究は成長段階を迎え、近い将来大量のゲノム関連データが産みだされることが予想されていました。そこで、かずさ DNA 研究所は国内ゲノム研究者と協力し、これらの成果を迅速に公開するための受け皿として我が国発の DNA 専門ジャーナルである DNA Research を創刊しました。

DNA Research には、創刊以来ダウンロード数や引用数が多く注目度が高い論文が多数掲載されており、現在も世界 100 ヶ国以上から年間 20 万件を超えるダウンロードがあります。1990 年代から 2000 年代前半のゲノム研究の黎明期には、ヒト cDNA の大規模解析、ラン藻、根粒菌、大腸菌の全ゲノム解読の成果など、わが国の主要な大規模ゲノム関連研究の成果が多数掲載されました。その後、2005 年以降は、腸内細菌のメタゲノム解析や麹菌や実用植物の全ゲノム解読の成果、ゲノム研究に有効なさまざまな技術開発が報告され、最近では、全ゲノムの変異解析やエピゲノム解析の成果が多数掲載されています。

DNA Research の現状と微生物ゲノム学会会員の皆様へのメッセージ

DNA Research の最新 (2024 年) の Impact Factor は 2.9 です (図 2)。10 年ほど前までは IF:5 を維持していたのですが、過去数年下落の傾向にあります。これには、投稿数、特に国内からの投稿の急激な減少が大きく影響したと考えており、宣伝活動の強化、スコープと編集委員の拡大を進めてきました。

ゲノム微生物学会会員の皆様には、微生物研究の最新の成果やオミックス情報リソース、さらにはオミックス情報解析ツールなど、今後の微生物基礎研究やバイオテクノロジーの活性化に資する研究成果を、是非とも DNA Research にご投稿いただきますようお願いいたします。

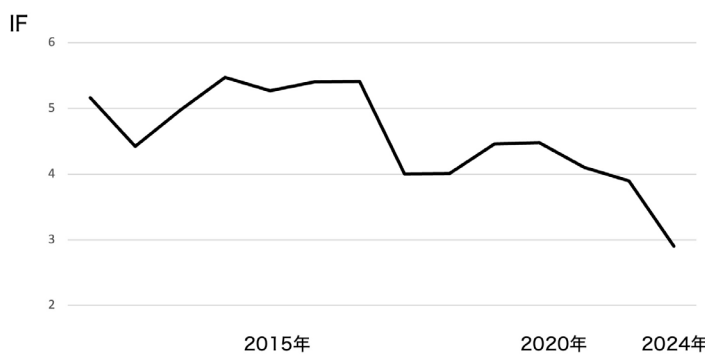


図 2 DNA Research の Impact Factor 推移



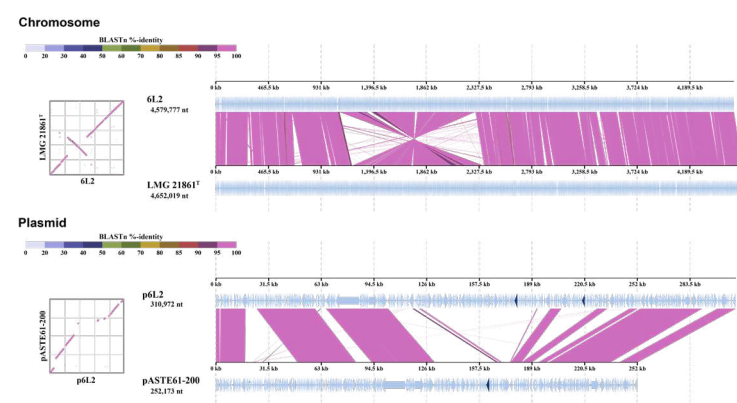
第 20 回年会の総会でも、雑誌紹介をしていただきました。(編集委員撮影)

学会員の最新の論文紹介コーナー

Complete genome sequence of *Alteromonas stellipolaris* strain 6L2 isolated from surface seawater using an ethylene- α -olefin co-oligomer

飯塚 怜¹, 吉田 尊雄², 河戸 勝², 上村 想太郎^{1,3}¹東大・院理 ²JAMSTEC ³CREST*Microbiol. Resour. Announc.* 15, e01285-25 (2026)<https://doi.org/10.1128/mra.01285-25>

ポリオレフィンのモデル基質であるエチレン- α -オレフィン共重合体 (LUCANT HC-40) を唯一の炭素源とした集積培養により、駿河湾の表層海水から *Alteromonas stellipolaris* 6L2 株を分離し、その完全ゲノム配列を決定した。基準株 LMG 21861^T との平均ヌクレオチド一致度は 98.73% であったが、染色体には大規模な再編成が認められ、プラスミドはサイズと構造が大きく異なっていた。本ゲノムは細胞外多糖関連タンパク質をコードしており、LUCANT 表面でのバイオフィーム形成が示唆された。さらにプラスミド上には、マルチ銅オキシダーゼをコードする 2 つの遺伝子が同定された。LUCANT 分解への直接の関与は今後の検証を要するが、これらの酵素はポリオレフィンの酸化的変化や低分子化に関わる候補因子として注目される。また、これらの遺伝子がプラスミド上に存在する点は、海洋細菌におけるポリオレフィン関連機能の獲得・伝播を考えるうえでも興味深い。

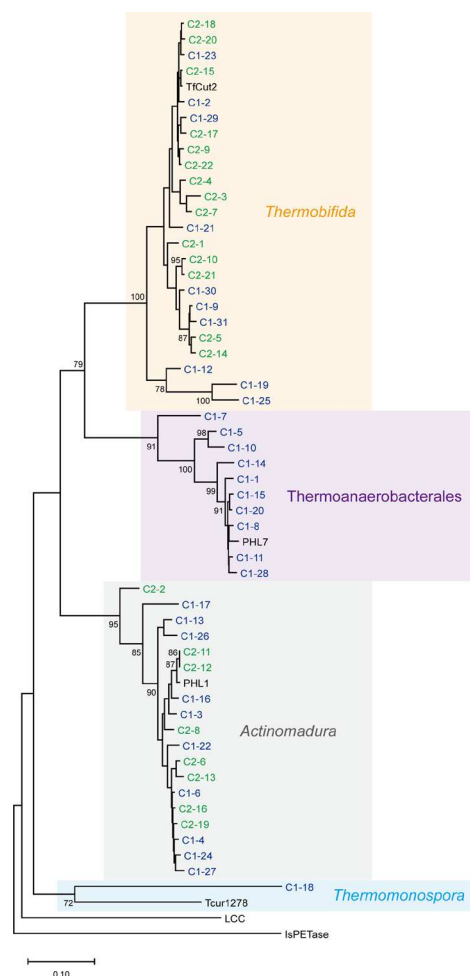


Alteromonas stellipolaris 6L2 株と基準株 LMG 21861^T のゲノム比較上段は染色体、下段はプラスミド。左はシンテニーのドットプロット、右はゲノムアラインメント。プラスミド上の濃青色領域は、マルチ銅オキシダーゼ遺伝子の位置を示す。原著より一部改変(CC BY 4.0)。

Amplicon sequence collection of putative polyethylene terephthalate hydrolases from two different composts in Japan

飯塚 怜¹, 森屋 利幸², 大島 泰郎², 上村 想太郎^{1,3}, 養王田 正文⁴¹東大・院理 ²共和化工 ³CREST ⁴東京農工大・工*Microbiol. Resour. Announc.* 15, e00173-26 (2026)<https://doi.org/10.1128/mra.00173-26>

ポリエチレンテレフタレート (PET) 分解酵素に対する縮重プライマーを用いて、日本国内の 2 か所の堆肥 (沖縄県宮古島市の高温産業堆肥 (Compost 1)、千葉県のクルックフィールドの農業堆肥 (Compost 2)) のメタゲノムからアンプリコン配列を収集した。このうち Compost 2 は、第 18 回年会のエクスカージョンでクルックフィールドを訪れた際に譲り受けたものである。クローニングと Sanger 法により配列を解読し、Compost 1 から 31 配列、Compost 2 から 22 配列、計 53 の推定 PET 分解酵素配列を取得した。近隣結合法による系統解析では、これらの配列は *Thermobifida* 属、Thermoanaerobacterales 目、*Actinomadura* 属、*Thermomonospora* 属細菌由来の既知酵素群に分類された。得られた配列の多くは既知の PET 分解酵素系統に近縁であったが、国内の性状の異なる堆肥試料から候補配列をまとめた形で取得できた点は、今後の機能解析や酵素改変に向けた基盤情報として意義がある。



日本の 2 か所の堆肥から得られた 53 個の推定 PET 分解酵素配列の系統樹配列名の青は Compost 1、緑は Compost 2 由来を示す。背景色は主要な系統群 (*Thermobifida*、Thermoanaerobacterales、*Actinomadura*、*Thermomonospora*) を表す。原著より転載 (CC BY 4.0)。

The *Alteromonas macleodii* ribosome enables consecutive incorporation of bulky D-amino acids into peptides

加藤 貴之^{1, #}, 高田 啓^{2, #}, Maxwell Sigal¹, 菅 裕明¹

¹ 東京大学大学院理学系研究科化学専攻 ² 富山県立大学工学部生
物工学科

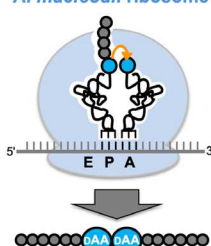
責任著者

Nucleic Acids Research, 54, gkag341, 2026

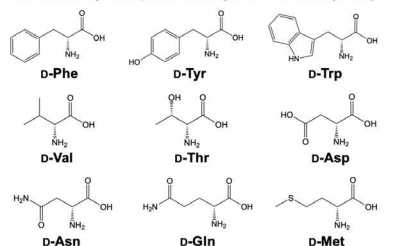
<https://doi.org/10.1093/nar/gkag341>

遺伝暗号リプログラミング技術の発展により、リボソーム翻訳を利用して、通常のタンパク質には含まれない多様な非天然アミノ酸をペプチド中に導入できるようになってきた。特に D-アミノ酸などを含む特殊ペプチドは、分解されにくさや立体構造の制御、創薬標的への結合能の向上などの観点から注目されている。一方で、D-アミノ酸は通常の L-アミノ酸に比べてリボソームによる導入効率が低く、複数個、特に連続して導入することは大きな課題であった。本研究では、従来用いられてきた大腸菌リボソームに代わり、多様な細菌由来リボソームを探索することで、かさ高い D-アミノ酸の連続導入に適したリボソームの同定を試みた。その結果、海洋細菌 *Alteromonas macleodii* 由来のリボソームが、D-アミノ酸やその他の構造的に特殊な非天然アミノ酸を、大腸菌リボソームよりも高効率に導入できることを見出した。特に、D-Ser の 6 連続導入や、環状構造をもつ特殊アミノ酸の 2 連続導入では、大腸菌リボソームに比べて大きく収量が向上した。また、D-Phe、D-Tyr、D-Trp、D-Val、D-Thr、D-Asp、D-Asn、D-Gln、D-Met という 9 種類のかさ高い D-アミノ酸について、リボソームによる連続導入を初めて実証した。さらに本研究では、*A. macleodii* 由来の EF-P および ABCF ATPase である Uup を組み合わせることで、D-アミノ酸導入効率がさらに向上することも明らかにした。ABCF 因子は、もともと抗生物質によって停止したリボソームを再活性化する因子として知られてきたが、近年、細菌が持つ housekeeping ABCF が、プロリンを含む配列や荷電性アミノ酸に富む配列など、翻訳が停滞しやすい配列の合成を助けることが明らかになってきた。高田らはこれまでに、枯草菌の YfmR/Uup や YkpA/YbiT が、EF-P と協調しながら翻訳停滞を解消することを報告している (*NAR*, 2024)。また加藤らは、これらの知見を非天然アミノ酸の翻訳合成へと展開し、大腸菌由来の ABCF が D-アミノ酸や N-メチルアミノ酸、β-アミノ酸などを含むペプチドの合成効率を高めることも示してきた (*NAR*, 2025)。本研究は、こうした ABCF による翻訳停滞解消の考え方を、さらに異種細菌由来リボソームの活用へと発展させたものである。最終的に、複数の D-アミノ酸を含むモデル環状ペプチドの合成にも成功し、本システムが高度に修飾された特殊ペプチドの翻訳合成に有用であることを示した。本成果は、リボソームが持つ基質許容性が生物種によって異なることを示すとともに、従来の大腸菌中心の翻訳システムを超えて、微生物多様性の中から有用な翻訳装置を探索することの重要性を示している。今後、*A. macleodii* リボソームの構造的特徴や ABCF との機能的な適合性を明らかにすることで、非天然ペプチド合成に特化したリボソーム工学や、創薬を指向したペプチドライブラリー構築への応用が期待される。

A. macleodii ribosome



Consecutively incorporated bulky D-amino acids (DAAAs)



大隅基礎科学創成財団

からのお知らせ

東京都立大学

准教授 成川 礼

大隅基礎科学創成財団では、「日本中の微生物学研究者をつなげたい」という大隅良典先生（東京科学大学）の想いのもと、研究者同士のネットワークづくりを支援しています。その一環として、学会の枠を超えて交流できる対面セミナーを各地域（これまで中四国、北関東、北陸地方）にて開催し、研究者が出会い・つながる場を提供してまいりました。

今回は、全国の微生物研究者の方々が広く集い、交流できる場として、本オンラインイベント「微生物ラボ・ハブ in クラウド」を企画・開催いたします。

本イベントは7月24日（金）の10時から17時まで開催する予定です。発表登録締切と参加登録締切はそれぞれ7月3日と7月17日となります。

これまでの研究会では、世話人側が演者を招待する形でプログラムを構成していましたが、今回のオンライン研究会では広く口頭発表の希望を公募いたします。「微生物」に関する研究であれば、基礎から応用まで分野は問いません。

発表時間は、長め（20分程度）と短め（10分程度）の2つの枠を設けております。なお、発表希望者が多数の場合は、大変恐縮ながら、分野のバランス等を考慮した上で、世話人の方で発表者を調整させていただく場合がございますことをあらかじめご了承ください。

本研究会は参加者同士の交流を最大の目的としております。そのため、あえてブレイクアウトルーム等による分科会形式は取らず、参加者全員がすべての発表を共有し、一体感のある議論ができるよう、単一の会場（シングルセッション）にて進行いたします。

なお、交流をさらに促進し、会期後も研究者同士が繋がりやすくするため、参加登録をいただいた皆様の【氏名、所属、職位、（学生の場合）主指導教員氏名、連絡先メールアドレス】を記載した「参加者名簿」を作成し、本研究会の参加者限定で共有させていただきます。

密なネットワーク構築のため、ご理解とご協力のほどよろしくお願い申し上げます。

詳細と発表・参加登録については、以下のリンク先をご参照ください。 <https://docs.google.com/forms/d/e/1FAIpQLScRCy-yMoWZjKICcGE8k-Pv5H7nHPYU9U3KveVbh3xuLrg0mA/viewform>

こちらの研究会の情報を微生物研究者の方々に共有いただけましたら幸いです。皆様の参加をお待ちしております。どうぞよろしくお願いいたします。

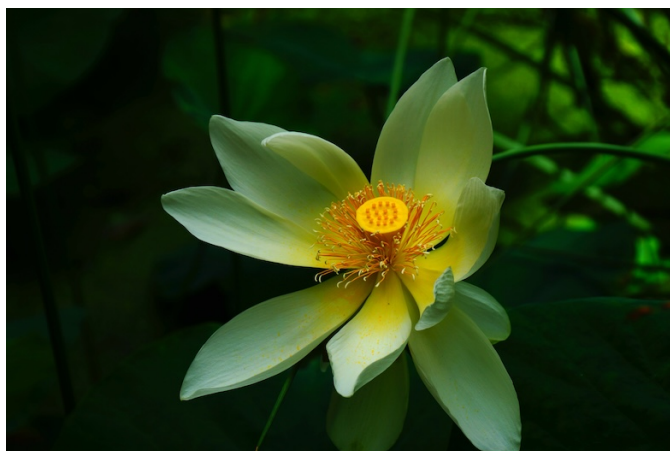
閑話休題 -その22-

春から夏の野を彩る花々

ホルトノキとはポルトガルの木という意味だそうで、紆余曲折の末にこう名付けられたようです。ハスの花は雌蕊が穴の開いた漏斗状になっています。ランにはチドリと名づけられているものが多く、アワチドリは房総の特産です。トベラという名前はこの花を魔除けのために扉に飾る習慣から名づけられたのだそうです。明石城跡の公園になぜかカリンの木があり、きれいに花を咲かせていました。(磯野克己)



ホルトノキ (ホルトノキ科) *Elaeocarpus zollingeri* K.Koch var. *zollingeri* 2018.7.8 神戸市灘区



ハス (スイレン科) *Nelumbo nucifera* Gaertn. 2023.7.19 西宮市北山緑地公園



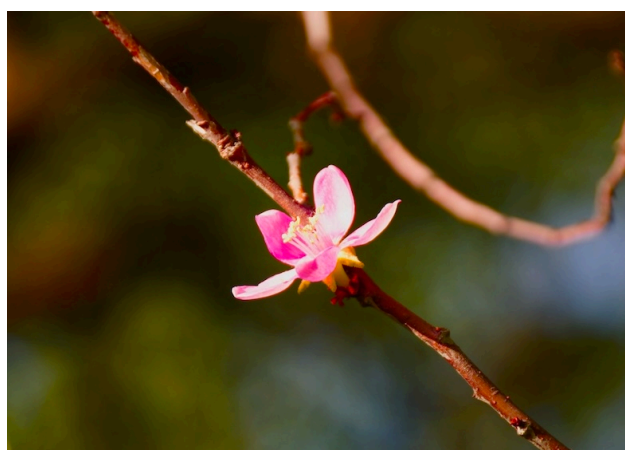
【左】アワチドリ (ラン科) *Orchis graminifolia* var. *suzukiana* 2011.6.14 千葉県富津市



【右】マツバウンラン (ゴマノハグサ科) *Linaria canadensis* Dum.Cours. 2026.5.14 神戸市灘区



トベラ (トベラ科) *Pittosporum tobira* (Thunb.) W.T. Aiton. 2026.5.13 神戸市灘区



カリン (バラ科) *Chaenomeles sinensis* (Thouin) Koehne. 2026.4.16 明石市明石城跡

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。

【ラボ運営のTips紹介コーナー】と【ダイバーシティ推進コーナー】につきましても投稿を歓迎いたします。

編集後記

2024年より短い期間ではありましたが、本号をもちまして、編集委員を退任することとなりました。

ニュースレター編集に携わる中で、多様な研究や学会活動に触れる機会をいただきました。また、普段なかなかお話しする機会のない先生方や学生の皆様と交流することができ、大変有意義な経験となりました。

さらに、編集委員の先生方が細やかなご配慮と多くのご尽力を重ねながら本ニュースレターを支えておられることを、編集を通じて実感いたしました。加えて、会員の皆様にもお忙しい中快く原稿をご執筆いただいております、多くの方々のご協力によって本ニュースレターが成り立っていることを改めて感じました。

特に今号では、私の出身研究室の学生さんとやり取りする機会もあり、不思議なご縁とともに、学会コミュニティのつながりの広がりを改めて感じました。

今後も本ニュースレターが、世代や分野を越えた交流の場として発展していくことを願っております。(藤吉)

日本ゲノム微生物学会のニュースレター編集を、第8号(2013年)から担当してまいりました。当時、都内のある場所に小笠原先生と磯野先生から呼ばれ、私と大坪さんが赴きました。事前に用件を知らされていなかったため、大御所の先生方にお呼びいただいたことに、少し緊張していた記憶があります。それまで一人で担当されていた磯野先生の編集体制に、私と大坪さんが加わることとなりました。

その後、大森先生も大局的にサポートしてくださり、相馬さん・

中村さんが加わりました。第17号以降は広瀬さん・佐々木さんも参加され、盤石な編集体制が整っていきました。さらに近年は藤吉さんが加わり、昨年度からは若手の皆さんも参加されて、編集部はずいぶん活気づいたように思います。

3月と9月の編集会議で構成を議論し、担当を決め、原稿を集め、編集する。この一連の作業の中心にいるのが大坪さんであり、佐々木さんが個性的なイラストを提供していただきます。皆で締め切りに向けて力を合わせ、春号・秋号を完成させてきました。そのサイクルの中で、ゲノム微生物学の進歩を間近に見てきたように感じています。会員の皆様が快く原稿をご提供くださり、学会を盛り上げようという機運が常にあつてこそ、このニュースレターが続いてきたのだと思います。

今号をもって藤吉さんもご多忙のためこの編集メンバーを離れられると聞きました。私自身も、いつの間にか大学法人の運営業務へとシフトし、研究室とは別の場所に籠る日々となりました。これ以上、編集作業の足手まといとならないよう、今号をもって編集委員を退かせていただくことにいたしました。

AIの発展とともに生命科学が大きく変動しようとしているこの時代に、ゲノム微生物学会のニュースレターがその主要な発信の場として、さらに発展し続けることを心より願っております。(佐藤)

今号よりAIによるレイアウトを実施しました。みなさん、AIの使い方にはもうすっかり慣れているかもしれませんが、こんなふうにも実施しました。まずAIにざっくりと指示を出して、プロンプトを作らせます。作らせたプロンプトを使って作業を実施させ、問題点が出てくればプロンプトに反映させます。これを繰り返すと、よく機能するプロンプトができあがります。

今回は、記事カテゴリごとにAIにレイアウトを指示し、作成されたページを適宜修正後一つのファイルに集めました。最後に目次作成を依頼して完成です。指示は次回以降も使えるようにしてありますので、次号以降、かなりレイアウト作業が楽になりそうです。藤吉さん、佐藤さん、お疲れ様でした。特に佐藤さんとは13年も一緒に編集をしていたのかと思うと感慨深いものがあります。お二人とも、ありがとうございました。(大坪)

学会の動向

2026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 涉、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 321名、学生会員 174名、名誉会員 5名

賛助会員 7社、機関会員 1機関