日本微生物資源学会

公益財団法人発酵研究所 学会・研究部会助成

公開シンポジウム

「微生物の新たな可能性探索」

要旨集

日時：2026 年 3 月 2 日（月）10:00-17:00

開催場所：東京国際フォーラム ホール D5

主催：日本微生物資源学会

後援：東京農業大学総合研究所研究会 応用微生物部会

シンポジウム参加者・講演者の皆様へ

日時：2026年3月2日（月）10:00-17:00

会場：東京国際フォーラム ホールD5

〒100-0005 東京都千代田区丸の内3丁目5番1号

（https://www.t-i-forum.co.jp/）

参加費：無料（参加登録が必要です）

主催：日本微生物資源学会

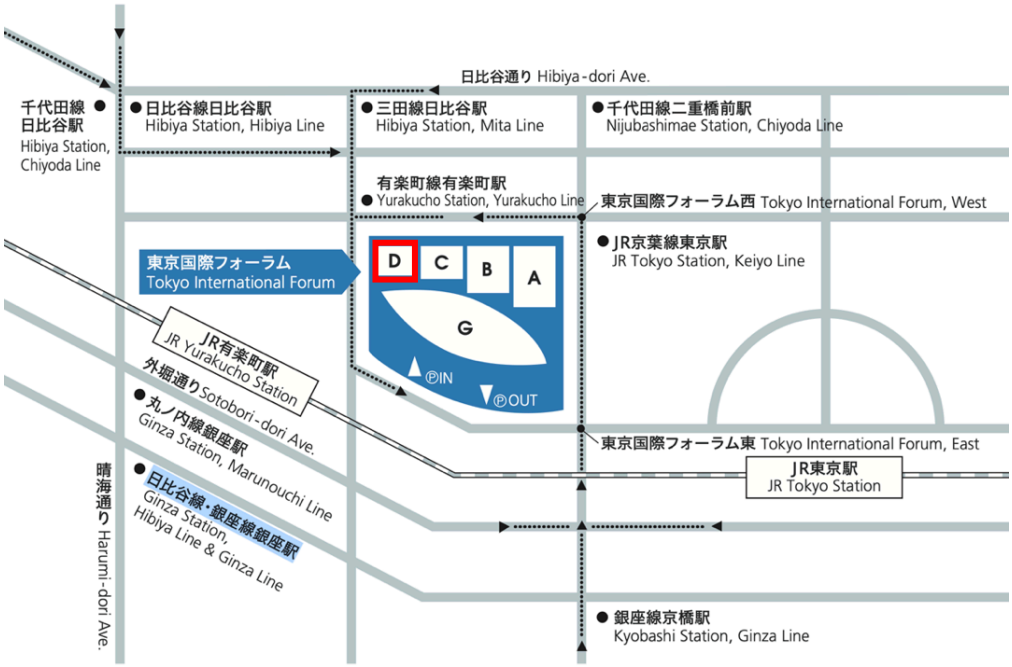
後援：東京農業大学総合研究所研究会 応用微生物部会

【受付】受付はロビーにて行います．名札およびクロークの準備はございません．会場内での貴重品などの保管に各自ご留意をお願いします．

【フリーWi-Fi】D5 ロビーには「tif-free-wifi」の SSID で Wi-Fi が通じております．こちらはパスワードがかかっておりませんので，この SSID を選択いただければどなたさまでも接続いただけます．ただし，ロックがかかっておらずセキュリティの脆弱性があるため，秘匿性の高い通信を行う場合は個別にテザリングやポケット Wi-Fi 等の通信機器をご使用いただくことをお勧めします．

【昼食】会場内での飲食は可能です．東京国際フォーラム 地下1階，1階にはレストランがあります．

アクセスマップ



日本微生物資源学会

公益財団法人発酵研究所 学会・研究部会助成 公開シンポジウム

「微生物の新たな可能性探索」

概要：

微生物は，地球上のあらゆる環境に適応し，多様な代謝機能を発揮する生命体として，基礎科学から産業応用に至るまで幅広い分野で注目されています．近年，メタゲノム解析やシングルセル解析，AI を活用したデータ駆動型研究の進展により，これまで未解明であった微生物の生態や機能が次々と明らかになりつつあります．

一方で，環境変動や資源制約，持続可能な社会の実現といった課題に対し，微生物の潜在能力をどのように引き出し，応用していくかは，今後の科学技術における重要なテーマです．

本シンポジウムでは，「微生物の新たな可能性」をキーワードに，基礎から応用までの最新研究動向を共有し，異分野間の連携を促進することを目的とします．微生物資源の探索・機能解析・利用技術に関する最前線の知見を集め，今後の研究の方向性や社会実装の可能性について議論します．

なお，本シンポジウムでは，これまでに本学会の学会・研究部会助成に採択された方々を中心にポスター発表を行なっていただき，シンポジウム参加者間のネットワーク構築と学術交流を促進します．これにより，異分野の研究者が知見を共有し，今後の研究の発展に寄与する場とすることを目指します．

日本微生物資源学会　微生物系統分類部会・公開シンポジウム実行委員会一同

日本微生物資源学会
公益財団法人発酵研究所 学会・研究部会助成 公開シンポジウム
「微生物の新たな可能性探索」
プログラム

10:00〜10:05
公開シンポジウムを開催するにあたって
坂本光央（理化学研究所）

10:05〜10:35
田辺倫己（東京農業大学）
「生菌製剤利用を目的としたヒト腸内善玉菌の芽胞形成による酸素ストレス耐性の向上」
座長：坂本光央

10:35〜11:05
西嶋　傑（東京大学）
「メタゲノム解析と新しいバイオインフォマティクス手法による腸内生態系の解明」
座長：坂本光央

11:05〜11:20　休憩（15 分）

11:20〜11:50
森　雄吾（千葉大学）
「薬剤耐性を有する白癬菌の疫学的調査と耐性機構の解明」　座長：矢口貴志

11:50〜13:20　昼休み（1 時間 30 分）

13:20〜14:00
ポスター発表（奇数）

14:00〜14:10　休憩（10 分）

14:10〜14:50
ポスター発表（偶数）

14:50〜15:00　休憩（10 分）

15:00〜15:30
吉澤　晋（東京大学）
「分離培養株を用いたロドプシンの新規光受容システムの探索」　座長：村松由貴

15:30〜16:00
福田青郎（NBRC）
「CO_2 を直接原料としたバイオものづくりを推進するための基盤整備」　座長：石田達也

16:00〜16:25　総合討論

16:25〜16:30
公開シンポジウムを閉会するにあたって
矢口貴志（千葉大学）

16:30〜　情報交換会（17:00 まで、飲食なし）

生菌製剤利用を目的としたヒト腸内善玉菌の芽胞形成による酸素ストレス耐性の向上

○田辺倫己，遠藤明仁*
東京農業大学応用生物科学部食品安全健康学科

腸内細菌は宿主の健康状態に深く関与し，その影響は腸内にとどまらず全身に及ぶことが様々な研究により明らかにされている．こうした背景から，腸内細菌叢移植（fecal microbiota transplantation: FMT）は欧米において再発性 *Clostridioides difficile* 感染症に対する有効な治療法として選択されているほか，様々な疾患の治療や薬物療法への効果促進手段として，その効果が検討されている．さらに近年では，ヒト糞便を薬剤処理することによって得られた経口薬も FMT と同等の有効性を示すとして，U. S. Food and Drug Administration（FDA）の承認を受けて既に実用化がなされている[1]．さらに，カプセル化したヒト糞便そのものを経口投与するヒト臨床試験も実施されている．このように，ヒト糞便が “薬（生菌製剤：live biotherapeutic products, LBPs）” として利用される一方，糞便のドナーによってマイクロバイオータが異なる（= “薬” の品質が一定ではない）ことや，糞便中には未知の潜在的病原菌が含まれている可能性があることなど，いくつかの懸念があることが FDA により指摘されている．

そのため我々は，これらの課題を解決しうる選択肢として，次世代プロバイオティクスとして考えられている酪酸産生菌を中心としたヒト腸内善玉菌をより安全かつ安定的な LBPs として応用できないかと考えている．しかし，それら腸内細菌は偏性嫌気性菌であり，大気条件下においては短時間のうちに死滅するため，生菌利用に大きな制約がある．そこで我々は一部の細菌が特異的に行う芽胞形成に着目し，芽胞による酸素ストレス耐性の獲得を検討したところ，これまで芽胞形成が知られていなかった *Anaerostipes caccae* を含む複数の菌種において芽胞の形成を確認した[2]．*Anaerostipes* 属はヒト腸内で優勢な酪酸産生菌の一群であり，大気条件下において 60 分以内に死滅すると報告されている．しかしながら芽胞の形成により，大気条件下においても 15 週間以上生残することを我々は確認した．現在は様々な腸内細菌の芽胞形成能を *in vitro* および *in silico* で評価し，これまでに知られていなかった腸内細菌の芽胞形成能を特徴付けている．

本講演では我々の研究結果および様々な腸内細菌の研究結果から，ヒト腸内細菌における芽胞形成と LBPs 利用の将来性について考察したいと考えている．

Reference

1. Feuerstadt, P. *et al.* SER-109, an Oral Microbiome Therapy for Recurrent Clostridioides difficile Infection. *New England Journal of Medicine* **386**, 220–229 (2022).
2. Kadowaki, R., Tanno, H., Maeno, S. & Endo, A. Spore-forming properties and enhanced oxygen tolerance of butyrate-producing Anaerostipes spp. *Anaerobe* **82**, (2023).

メタゲノム解析と新しいバイオインフォマティクス手法による腸内生態系の解明

西嶋　傑
東京大学大学院新領域創成科学研究科附属生命データサイエンスセンター

ヒトの腸内には，細菌・古細菌・真菌・ウイルスなど多様な微生物が共存し，これらがつくり出す複雑な微生物生態系（マイクロバイオーム）は，消化・免疫・代謝など多くの生理機能を支える重要な基盤として働いている．しかし腸内には，分離培養が困難な微生物が多数存在するため，従来の培養依存的な方法では，その実態を包括的に理解することは難しかった．2000 年代中期に次世代シークエンサーが普及すると，環境中の微生物 DNA を網羅的に解析するメタゲノム解析が可能となり，培養を必要としない微生物研究が急速に発展した．これにより，腸内マイクロバイオームに含まれる微生物の種類（多様性）や持つ遺伝子・機能を大規模に解析できるようになり，マイクロバイオームとさまざまな疾患との関連が次々に明らかとなった．本発表では，発表者がこれまでに取り組んできた大規模コホートにおける腸内マイクロバイオーム研究，日本人に特徴的な腸内マイクロバイオームの全体像の解明，さらに近年開発した新規データ解析手法について紹介し，メタゲノム解析がどのように腸内マイクロバイオームの生態学的理解を深め，健康科学・医療への応用へとつながっていくのかを概説する．

薬剤耐性を有する白癬菌の疫学的調査と耐性機構の解明

森　雄吾
千葉大学真菌医学研究センター

近年，病原微生物の薬剤耐性化は世界的な課題として注目されており，その解決には耐性菌株の収集と研究が不可欠である．千葉大学真菌医学研究センターでは，真菌症原因菌の薬剤耐性株を重点的に収集し，薬剤感受性情報を付加した高品質なバイオリソースとして整備を進めている．

真菌感染症の中でも特に罹患数の多い白癬（水虫，インキン，タムシなど）においても薬剤耐性化問題が顕在化している．白癬は *Trichophyton rubrum* をはじめとする白癬菌による感染症であり，日本人の約 6 人に 1 人が罹患していると推定される．治療には抗真菌薬テルビナフィン（TRF）が世界的に使用されている．TRF は真菌細胞膜主成分のエルゴステロール合成経路上の酵素スクアレンエポキシダーゼを標的とする抗真菌薬であり，1990 年代の承認以降，国内外で第一選択薬として広く使用されてきた．しかし 2017 年頃より，国内外の臨床現場で TRF 耐性株の報告が増加している．さらに近年ではもう一つの白線治療薬であるアゾール系抗真菌薬に対しても耐性を示す多剤耐性株も分離されている．薬剤耐性化は治療上の重大な脅威であり，対策が必要である．

本研究では，白癬菌の薬剤耐性の実態と耐性機構を明らかにすることを目的として，千葉大学真菌医学研究センター保存臨床分離株の TRF 耐性株スクリーニングおよび遺伝子解析を行った．701 株の解析から 20 株（2.9%）の TRF 耐性株を検出し，その内訳は *T. rubrum* 16 株，*T. interdigitale* 2 株，*T. mentagrophytes* 1 株，*T. indotineae* 1 株であった．特に日本国内で報告の少ない *T. interdigitale*，*T. mentagrophytes*，*T. indotineae* において耐性株を確認した点は重要である．薬剤感受性試験の結果，これら耐性株は感受性株に比べ明らかに高い最小生育阻止濃度（MIC）を示した．

耐性遺伝子解析では，多くの TRF 耐性株においてスクアレンエポキシダーゼのアミノ酸変異を確認した．新規に同定された変異残基については，ゲノム編集技術を用いて *T. mentagrophytes* の TRF 感受性株に導入したところ，TRF 耐性化が再現され，変異の機能的寄与が実証された．また，TRF 耐性株のうち 4 株はアゾール系薬剤にも低感受性を示し，これらでは薬剤排出トランスポーター遺伝子 *MDR3* やアゾール標的酵素遺伝子 *Cyp51B* の過剰発現が認められた．

本研究により，本邦における白癬菌の薬剤耐性株出現が増加傾向にあることが示され，今後も継続的な耐性株モニタリングが不可欠である．また，耐性機構に関わる複数の遺伝子要因が明らかとなり，これらの知見は迅速分子診断法の開発や新規抗真菌薬開発といった応用研究に貢献することが期待される．

分離培養株を用いたロドプシンの新規光受容システムの探索

吉澤　晋
東京大学大学院新領域創成科学研究科/大気海洋研究所

地球上の生命は太陽から降り注ぐ光エネルギーを使うことで，生命活動を行なっている．一般的に太陽光を化学エネルギーに変換するシステムとして知られているのは『光合成』である．しかしながら，2000年に海洋細菌を対象としたメタゲノム解析から，光合成とは全く異なるシステムで光を受容する微生物型ロドプシンが見つかったことで，この常識は揺らぎつつある．その後の研究から，現在では海洋表層に生息する細菌の半数以上はロドプシン遺伝子を保有することが明らかとなっており，ロドプシンを介して海洋生態系に流れ込む光エネルギーの実態を解明することは，海洋生態系を理解する上で不可欠な課題となっている．

それでは微生物型ロドプシンとはどのような光受容体なのか？微生物型ロドプシンは，発色団としてβカロテン誘導体であるレチナールを持つ７回膜貫通型の光受容体の総称である．レチナールが光を受け取ることで起こる構造変化を起点として，イオン輸送などの機能が働く．ロドプシンが光を受容するにはレチナールとの結合が必須であることから，多くのロドプシン保有バクテリアではゲノム上にカロテノイド生合成遺伝子およびβカロテンからレチナールを生産する遺伝子が保存されている．近年，遺伝子解析技術の発展を背景に，様々な分類群や多様な環境から膨大な数のロドプシン遺伝子が見つかっているが，ここで重要となるのは，ロドプシンの機能をどのように解析するのかという点である．通常，人工的に合成したロドプシンDNAを大腸菌に導入して異種発現させ，外部からレチナールを添加して機能解析を行う．この手法では，ロドプシンを保有する細菌の培養株の有無は問題にならないことから，ほぼ全てのロドプシン研究で大腸菌の異種発現系が用いられてきた．しかし，この手法には限界がある．ロドプシンとレチナール以外の色素との相互作用を明らかにできない点である．長らくロドプシンに結合する色素はレチナールのみであると信じられてきたこともあり，この問題はあまり意識されてこなかった．ところが近年，分離培養された細菌が生産する細胞内色素の一部がロドプシン機能に作用することが徐々に明らかになってきた．

本講演では，バクテリアが生産する多様な細胞内色素がどのようにロドプシンと関わるのかを，最新の知見を交えて紹介し，ゲノム解析が主流となった現代の微生物生態学において，分離培養株が果たす意義と可能性について議論したい．

CO_2を直接原料としたバイオものづくりを推進するための基盤整備

福田青郎
独立行政法人製品評価技術基盤機構（NITE）バイオテクノロジーセンター（NBRC）

2020年に政府が宣言した「2050年カーボンニュートラル」を踏まえ，「2050年カーボンニュートラルに伴うグリーン成長戦略」が策定され，この取組として「グリーンイノベーション基金（GI基金）」がNEDOに設立された．近年水素酸化細菌などのCO_2を固定する微生物を用いたバイオものづくりに期待が集まっていることもあり，GI基金事業のプロジェクトとして「バイオものづくり技術によるCO_2を直接原料としたカーボンリサイクルの推進」が立ち上がった．

CO_2を固定する微生物を用いたバイオものづくり技術を考えた場合，様々な課題が存在する．工場での生産技術に関する課題も多いが，さらにはより基礎的な問題として，利用可能なCO_2固定微生物の種類や菌株数が少ない，微生物を扱う上での培養条件等の情報およびゲノム情報や代謝系情報等が不足している，遺伝子操作が可能なCO_2固定微生物株の種類が限定的である，既存情報やデータが未整理かつ散逸しているため非効率な情報検索を強いられる，といった課題も挙げられる．

そこでNITEを幹事機関とする8機関（NITEコンソーシアム）は，有用微生物の開発を加速するべく「CO_2固定微生物利活用プラットフォームの構築」をテーマとして応募し，2023年から事業に参加した．上述の課題を解決するため，利用可能なCO_2固定微生物やそれに関連した各種情報の拡充を図るとともに，それらを一元的に集約して効率的な検索を可能とするプラットフォームの構築を目指す（2030年度プロジェクト終了予定）．

<CO_2固定微生物利活用プラットフォームの構築に向けて>

NBRCはプロジェクト開始前から，水素酸化細菌やメタン菌など150株程度のCO_2固定微生物を保有している．提供可能株数を増やすため，日本各地の土壌や温泉地，深海より環境サンプルを採取し，CO_2固定微生物の分離を試みた．これまでに200株を超える様々なCO_2固定微生物を取得している．また新規分離株や既存の株も対象とし，ゲノム解析や小スケールでの増殖速度の解析も進めている．さらにNITE保有株のみならず，既存のCO_2固定微生物について文献情報に基づいた網羅的な情報を一元的に検索/活用できるCO_2固定微生物利活用プラットフォームPOMIC (Platform of Microbial CO_2 Fixation)の構築/運用を目指した．現在までに1000株を超えるCO_2固定微生物情報を収集し，POMICプロトタイプを制限公開している（後述）．

<GIフォーラムについて>

本プロジェクトの採択公表以降，プロジェクト終了を待たずにNITEコンソーシアムと連携したいとの要望をいただいた．そこで我が国のCO_2からのバイオものづくりを志す企業等とNITEコンソーシアムの早期連携を実現するための共同体「グリーンイノベーションフォーラム（GIフォーラム）」を立ち上げた．GIフォーラムに参画した企業等には，NITEコンソーシアムが取得したCO_2固定微生物やその関連情報を開発中のPOMICを通してプロジェクト終了後の一般公開を待たずに先行利用が可能である．

本シンポジウムでは，プラットフォームの構築に向けた2025年度までの成果を紹介したい．

ポスター発表

学会参加および論文発表助成の部

	助成番号	助成区分	氏名（所属）	助成時の内容（論文・発表タイトルと発表誌・学会名）／今回の発表タイトル
1	SMS 2021-01	論文発表	酒井博之（理研）	Complete genome sequence of a novel *Sulfolobales* Archaeon strain HS-7 isolated from the Unzen hot spring in Japan. Microbiol Resour Announc. 10: e0058221,2021
				Nanobdellati・宿主・ウイルス三者共培養系のトランスクリプトームおよびグライコプロテオーム解析
2	SMS 2021-02	論文発表	鈴木重勝（筑波大）	What happened before losses of photosynthesis in cryptophyte algae? Mol Bio Evol. 39: msac001, 2022
				藻類リソースの多様性を活用していくための基盤的技術開発
3	SMS 2022-04	学会参加	青木敬太（東京農大）	Hyphal growth of *Trichosporon asahii* is accelerated by the addition of magnesium. 36th International Specialized Symposium of Yeasts
				担子菌酵母 *Trichosporon asahii* の分節胞子化に関わる新規遺伝子群の同定
4	SMS 2022-05	論文発表	加藤真悟（理研）	*Nanobdella aerobiophila* gen. nov., sp. nov., a thermoacidophilic, obligate ectosymbiotic archaeon, and proposal of *Nanobdellaceae* fam. nov., *Nanobdellales* ord. nov. and *Nanobdellia* class. nov. Int J Syst Evol Microbiol. 72: 005489, 2022
				Nanobdella aerobiophila をモデルとした絶対共生性 *Nanobdellati* アーキア研究の展開
5	SMS 2022-06	学会参加	阿部晃大（茨城大）	シロアリ腸内からの新規乳酸菌の分離と生理学的性質の解析．日本微生物生態学会第35回大会
				*Lactococcus*属の再分類とシロアリ腸内から単離した乳酸菌の分布
6	SMS 2022-08	学会参加	丸岡直弥（科学大）	キゴキブリ腸内原生生物に共生する細菌の群集構造及び局在の解析．日本微生物生態学会第35回大会
				シロアリ・キゴキブリ腸内原生生物に共生する細菌の起源と進化
7	SMS 2023-02	学会参加	西原亜理沙（理研）	Reconstruction of nitrogen-oxidoreductage family tree reveals the evolutionary history of nitrogen fixation and its evolutionary timing. 15th European Nitrogen Fixation Conference
				中房温泉における好熱性窒素固定 *Aquificota* 細菌の分離と窒素固定遺伝子の特徴
8	SMS 2023-04	論文発表	森　史（環境研）	Cryopreservation of eight genera of the multicellular volvocine green algae. Microb Resour Syst. 39: 77-87, 2023
				多細胞化と性進化のモデル生物・ボルボックス類を次世代へ ― 凍結保存による継承の試み ―

9	SMS 2024-01	学会参加	舘坂珠季（千葉大）	動物関連試料に含まれる*Candida*様菌類の多様性．日本菌学会第68回大会
				病原性真菌 *Candida auris* における新規フルコナゾール耐性機構の解明
10	SMS 2024-03	学会参加	久富　敦（理研）	Isolation and identification of gut microbes by liquid-liquid co-culture method. IUMS 2024
				ヒト糞便から分離された *Hominimerdicola* 属と *Ruminococcus* 属の新菌種
11	SMS 2024-04	論文発表	柴山洋翔（NBRC）	Yeast diversity in Wine grapes from Japanese vineyards and ecological traits of indigeneous *Saccharomyces cerevisiae* strains. Microorganisms. 12: 1769, 2024
				日本ワインのテロワールに関与する酵母の多様性と醸造特性の解明
12	SMS 2024-07	学会参加	内田百岳（千葉大）	Investigation of a novel azole-resistance mechanism in *Aspergillus fumigatus*. 17th European Conference on Fungal Genetics
				Aspergillus fumigatus における交配技術の確立と遺伝学的な新規アゾール耐性機構の同定

一般の部

ポスター番号	氏名（所属）	発表タイトル
13	髙橋一樹（理研）	細胞内共生 Clostridia 綱細菌の発見とゲノム縮小過程の解明
14	松尾恵里子（茨城大）	モンツキダニ科ササラダニ由来の新規共生細菌とその宿主細菌の解析
15	橋本　陽（理研）	難培養性黒色酵母の生活環の解明と新規探索源について
16	瀬戸健介（横浜国立大）	真菌類の新門系統の探索：藍藻寄生性ツボカビ *Rhizosiphon* 属菌の分子系統解析
17	大賀聖也（茨城大）	ヤエヤマシロアリから単離された *Pseudolactococcus yaeyamensis* の野外コロニーにおける存在頻度と存在量

Nanobdellati・宿主・ウイルス三者共培養系のトランスクリプトームおよびグライコプロテオーム解析

○酒井博之[1,2]，中川聡[3,4,5]，島村繁[5]，高井研[5]，布浦拓郎[6]，黒沢則夫[2]，大熊盛也[1]

[1]理研 BRC-JCM，[2]創価大・理工，[3]京大・院農，[4]自然科学研究機構・生命創成探求センター，

[5]海洋研究開発機構・超先鋭研究開発部門，[6]海洋研究開発機構・生命理工学センター

Nanobdellati は，多様な環境に生息する共生性アーキアから構成される界（Kingdom）であるが，宿主との共培養系が限られており，その生理・生態には未解明な点が多い．本研究では，鹿児島県の陸上温泉から分離した新規 *Nanobdellati* YN4 株，宿主アーキア YN4HA 株，アーキアウイルス MTIV4 株から成る三者共培養系を確立した．本共培養系を用いて，宿主単独，宿主＋YN4，宿主＋MTIV4，宿主＋YN4＋MTIV4 の各条件におけるトランスクリプトームおよびグライコプロテオーム解析を実施した．トランスクリプトーム解析では，*Nanobdellati* YN4 株共生時に宿主がエネルギー代謝，モビローム関連遺伝子，防御関連遺伝子を顕著に発現上昇させることが示された．一方，アーキアウイルス MTIV4 株の感染で変動した宿主遺伝子は 64 個にとどまり，YN4 共生時にみられる広範な転写応答（393 遺伝子）と比較して限定的であった．グライコプロテオーム解析では，YN4 株が宿主とは異なる独自の糖鎖を有し，共生時には宿主の N 型糖鎖の非還元末端 dHex が消失することが観察された．一方，MTIV4 株に糖鎖修飾は検出されず，感染時の宿主の N 型糖鎖への影響は確認されなかった．以上より，*Nanobdellati* YN4 株は宿主の生理・転写・糖鎖に大きな影響を及ぼし，その影響がウイルス感染を上回る場合があることが示された．

藻類リソースの多様性を活用していくための基盤的技術開発

○鈴木重勝[1,2]，田辺雄彦[2]，河地正伸[2]

[1]筑波大学生命環境系，[2]国立環境研究所生物多様性領域

藻類は多様な系統から構成されており，細胞形態や体制，栄養様式，代謝経路や産生する二次代謝産物，遺伝子やゲノム構造などの形質は各系統で大きく異なり，種間・株間でも高い多様性がある．この顕著な形質多様性は，藻類リソースの研究材料としての魅力である一方，統一的な実験手法の開発を困難にし，新規ユーザーの参入や既存研究者の系統横断的な培養株の利用を阻む要因の一つとなっている．

この障壁を解消するために，我々は大半の系統の藻類種に最小限の最適化で汎用的に利用可能な基盤的技術の開発に取り組んできた．その結果，①高効率かつ薬剤フリーの新規無菌化手法，②低コストで迅速に染色体レベルのゲノムを構築可能とするワークフローの開発に成功した．さらに，③非モデルシアノバクテリアにも適用可能な新規形質転換手法の開発も進めている．これらの新規技術を統合的に活用することによって，非モデル藻類を最適化なしで無菌化し，高品質なゲノム情報を取得し，さらには形質転換による遺伝子機能解析に展開することを目指している．これにより，これまで技術的制約により扱いが困難であった多様な系統の藻類を，既存モデル種と同様に研究材料として活用できることが期待される．

担子菌酵母 *Trichosporon asahii* の分節胞子化に関わる新規遺伝子群の同定

○青木敬太[1]，松谷峰之介[2]，大熊盛也[3]，杉田　隆[4]，小林裕樹[1]，田中尚人[5]，高島昌子[1]

[1]東京農業大学総合研究所，[2]東京農業大学ゲノム解析センター，[3]理研 BRC-JCM,

[4]明治薬科大学微生物学研究室，[5]東京農業大学生命科学部

深在性トリコスポロン症の起因菌である *Trichosporon asahii* は二形性を有する．侵襲性を示す菌糸は，環境の変化に応じて隔壁を生じ酵母型である分節胞子へ分裂するが, 関連遺伝子は不明だった. 本研究では，マグネシウムの添加によって酵母から菌糸への変換が促進される実験系を用いて，菌糸への変換時に発現が増える遺伝子群を探索した．その結果, 489 個の遺伝子の発現が菌糸変換時に倍増することがわかった．特に，発現が 5 倍以上に増えた 11 個について，*mee*（magnesium-enhanced expression）遺伝子群として解析した．これらの遺伝子を破壊して表現型を観察したところ，*mee4*，*mee5*，*mee6*，*mee11* の各破壊は，菌糸生長には影響しないが，分節胞子の形成を阻害することがわかった．Mee5 は核小体タンパク質である Nop14 様の配列を持つ担子菌酵母特異的なタンパク質であり，Mee6 はアレスチンの C 末端に相同性を示すタンパク質であった．*mee6* の発現が *mee5* に依存し，また，*mee5* の発現はラパマイシンの添加で阻害されたことから，分節胞子化の上流に TOR 経路を含む遺伝子発現カスケードの存在が示唆された．

Nanobdella aerobiophila をモデルとした絶対共生性 *Nanobdellati* アーキア研究の展開

○加藤真悟，伊藤　隆，大熊盛也

理研 BRC-JCM

Nanobdellati 界は，アーキアドメインに属する４つの界のうちの１つである．ゲノムサイズが小さいことから，その多くの種が絶対共生性を示すと推定されており，実際に現在までに培養に成功している種はすべて絶対共生性である．この界の学名の由来となったのが，2022 年に我々のグループが新属新種として報告した *Nanobdella aerobiophila* である[1]．本種の基準株である MJ1^{T} 株（=JCM 33616^{T}）は，他の培養種と同様に絶対共生性であり，宿主となるアーキア *Metallosphaera sedula* MJ1HA 株（=JCM 33617）との共培養でのみ生育が確認されている．実際，MJ1^{T} 株のゲノムサイズは非常に小さく（0.67 Mb），生育必須遺伝子の多くを欠いている．さらに，本株を対象とした多角的な解析（トランスクリプトミクス，グライコプロテオミクス，ライブイメージング，クライオ電子線トモグラフィーを含む各種電子顕微鏡解析）により，そのユニークな共生機構や生活環が明らかにされつつある[2-4]．*Nanobdellati* アーキアは，微生物生態学や系統進化学においても興味深い研究対象であり[5]，培養の容易な本株をモデルとして，今後のさらなる研究展開が期待される．

引用文献：

1. Kato et al., 2022, *Int J Syst Evol Microbiol*
2. Kato et al., 2024, *J Bacteriol*
3. Nakagawa et al., 2024, *J Bacteriol*
4. Goto-Ito et al., 2025, *J Biochem*
5. 加藤, 2024, *Viva Origino*

Lactococcus 属の再分類とシロアリ腸内から単離した乳酸菌の分布

阿部晃大[1]，大賀聖也[1]，久富　敦[2]，大熊盛也[2]，坂本光央[2,3]，○野田悟子[1,4]

[1]茨城大・院理工，[2]理研 BRC-JCM，[3]東農大・総研，

[4]茨城大 Gtech

我々はシロアリから複数の *Streptococcaceae* 科の乳酸菌を単離し，分類学的な検討を行なってきた．この過程で本科の *Lactococcus* 属は，16S rRNA 遺伝子に基づく系統解析で大きく 2 つのクレードを形成することを明らかにした．ゲノム配列の特徴（ANI, AAI）とコア遺伝子を用いたゲノム系統解析の結果から *Lactococcus* 属を 2 属に再分類することが適当であると考えた．そこで，既知種 25 種のうち *L. lactis* を含む 15 種は *Lactococcus* 属，シロアリから単離した株を含むもう一つを *Pseudolactococcus* 属として提案した。ついで，ヤマトシロアリ腸内から単離された *P. reticulitermitis* の宿主特異性と存在比率を，定量 PCR 法を用いて調査した．存在比は低いものの *P. reticulitermitis* はヤマトシロアリに広く分布し，その相対存在比に地域間で差は見られなかった．また本種は，ヤマトシロアリの同所的異種を含む別のシロアリ種からも一部検出された．以上の結果から，乳酸菌は広範なシロアリ種に広く共生し，一部は水平伝播によって獲得される可能性が考えられた．

シロアリ・キゴキブリ腸内原生生物に共生する細菌の起源と進化

○丸岡直弥[1]，工藤凜平[1]，猪飼　桂[1]，大熊盛也[2]，本郷裕一[1,2]
[1]東京科学大学・生命理工学院，[2]理研 BRC-JCM

シロアリは，摂食した植物枯死体に含まれる難分解性木質の消化を腸内に共生する木質分解性原生生物群集に依存している．これら原生生物の細胞表面や細胞内には多様な系統群に属する細菌が共生し，宿主である原生生物と相互作用している．シロアリに最も近縁であるキゴキブリも，植物枯死体を摂食し，その分解を腸内原生生物に依存するが，原生生物に共生する細菌の系統的多様性や機能については未知である．本研究では，キゴキブリ腸内原生生物に共生する細菌の群集構造を網羅的に調査し，結果としてシロアリ腸内原生生物の共生細菌と同一の起源に由来する多様な細菌系統群が共生していることを明らかにした．その中でも *Deferribacterota* 門および *Endomicrobiaceae* 科に属する共生細菌については，新規ゲノム配列を取得し，機能・進化過程について詳細な解析を行った．*Deferribacterota* 門では，水素酸化能および酸素還元能により原生生物の木質分解発酵を促進すること，鞭毛フィラメントを介して原生生物細胞表面に接着することを推定した．*Endomicrobiaceae* 科では，共生様式の変遷とそれに伴い獲得および喪失した遺伝子を明らかにした．

中房温泉における好熱性窒素固定 *Aquificota* 細菌の分離と窒素固定遺伝子の特徴

西原亜理沙

理研 BRC-JCM

陸上の高温環境に生息する窒素固定細菌については，これまであまり十分に理解されていなかった．本発表では, 70ºC 以上で生育する好熱性の窒素固定細菌の特徴について, 明らかになったことをご紹介する．

長野県・中房の弱アルカリ性温泉（≥70℃）の細胞集合体について，窒素固定遺伝子を対象としたアンプリコン解析を行ったところ，*Aquificota* に分類される遺伝子が高い相対存在量で検出された．そこで，窒素ガスを唯一の窒素源とした窒素固定条件で *Aquificota* 細菌の分離培養を試みたところ，70ºC で生育を示す株を分離することに成功した．分離株は窒素ガスをアルゴンガスに置き換えると生育が見られなかった．また, アセチレン還元法により窒素固定活性が検出されたことから, 窒素固定能を有することが示された．分離株の 16S rRNA 遺伝子は，*Hydrogenobacter hydrogenophilus* DSM 2913^{T} に 97.6%の類似性を示した．さらに，窒素固定遺伝子クラスターの構造を明らかにするため，PacBio による全ゲノム解析を行った．ゲノム解析の結果，分離株は 1 セットのモリブデン型の窒素固定酵素（Mo-nitrogenase）遺伝子を有していた．興味深いことに, 本株は窒素固定酵素の一部である NifK 遺伝子の途中にストップコドンが存在していることがわかった．*Aquificota* 細菌で窒素固定活性を示したのは本研究がはじめてであり，高温環境の細菌は既存の窒素固定酵素とは異なる様式を持っている可能性が示唆された．

多細胞化と性進化のモデル生物・ボルボックス類を次世代へ ― 凍結保存による継承の試み ―

○森　史[1]，野崎久義[1,2]，田中陽子[1]，松﨑　令[3]，山口晴代[1]，河地正伸[1]，田辺雄彦[1]

[1]国立環境研究所生物多様性領域，[2]東京大学大学院理学系研究科，[3]大阪工業大学工学部

「多細胞化と性進化」研究のモデル系統群である緑藻ボルボックス類は，継代培養の経過とともに性発現能力や形態形成能力が低下・消失する．しかしながら，ボルボックス類の凍結保存は世界的にもほとんど実施されていなかったため，次世代の研究者に本生物群を伝える目的で凍結保存株の確立を目指した．

本研究では生活環に着目した材料の選定, プログラムフリーザーによる二段階凍結法を実施し, Nakazawa & Nishii（2012，CryoLetters）の報告に基づく凍結保護剤を使用した．その結果，ゴニウムの栄養細胞および接合子（Nozaki et al. 2022，BMC Microbiol.），アストレフォメネ 2 種（Nozaki et al. 2023，BMC Microbiol.）の凍結保存条件の確立に成功した．さらに，球状の多細胞体の 6 属（パンドリナ，ボルブリナ，ヤマギシエラ，コルマノスファエラ，プラティドリナ，ユードリナ）および 4 細胞性のシアワセモとバシクラミスを加えた計 8 属において至適凍結条件を明らかにし，各属で the most probable number 法による生存率 0.1% 以上を得た（Mori et al. 2023，Microb. Resour. Syst.）．これらの成果に基づき，国立環境研究所微生物系統保存施設が保有するボルボックス類 10 属 27 種 156 株のうち 111 株（71%）を永久凍結保存へ移行することができた．さらに最近では，ボルボックス 3 種の凍結保存にも成功し，永久凍結保存への移行を進めた（Nozaki et al. 2025，Phycologia）．

病原性真菌 *Candida auris* における新規フルコナゾール耐性機構の解明

○舘坂珠季[1]，内田百岳[2]，柴田紗帆[2]，村上正志[3]，高橋弘喜[2]

[1] 千葉大学大学院 融合理工学府，[2] 千葉大学真菌医学研究センター，[3] 千葉大学 理学研究院

Candida auris は一部が致死的な真菌血症を引き起こす真菌である．本研究では *C. auris* の薬剤耐性に焦点を当て，特にアゾール系抗真菌薬であるフルコナゾール（FLCZ）について新たな耐性機構の解明を目的とし，比較ゲノム解析と遺伝子改変を用いた遺伝学的なアプローチを試みた．本研究は千葉大学真菌医学研究センター保存の FLCZ 耐性株（Caur-R1）を研究対象とした．Caur-R1 株は高い FLCZ 耐性を有するが，アゾール耐性をもたらす既知の変異を持たない臨床分離株である．本株をはじめとするセンター保有株の全ゲノム配列を決定したのち，Caur-R1 を含む日本産 *C. auris* 10 株の系統解析が実施された．系統解析の結果，Caur-R1 と最近縁な株はそれよりも耐性の低い中度耐性株 Caur-S6 であった．この２株間に FLCZ 耐性の獲得もしくは強化の原因となる変異があると考えられたため，Caur-R1 と Caur-S6 間で比較ゲノム解析を実施したところ，Caur-R1 でのみ短縮変異が生じている遺伝子が５つ発見された．これらの遺伝子の機能を検証するため，センター保存の FLCZ 感性株 Caur-S2 株を用いた遺伝子欠損系統の構築を行った．標的とする遺伝子の欠損株を作製し，薬剤感受性を測定することで，その遺伝子の薬剤感受性への関与を検証した．

ヒト糞便から分離された *Hominimerdicola* 属と *Ruminococcus* 属の新菌種

○久富　敦[1]，大熊盛也[1]，坂本光央[1,2]

[1] 理研 BRC-JCM，[2] 東農大・総研

我々はヒト腸内から未分離・未分類の細菌を単離し，微生物資源の確保およびその利用の観点からバイオリソースの整備を行うことを目的として研究を進めている．本研究では，新たに単離された菌株の分類学的位置を明確にすることを目的とした．健常成人のヒト糞便材料から種々の血液寒天培地を用いて嫌気条件下で培養を行い，新規な微生物株の単離を試みた．分離された菌株の 16S rRNA 遺伝子の部分塩基配列を決定し，その配列の比較から既知種あるいは新菌種であるかを判定した．新菌種の候補である菌株に対しては，さらに詳細な生理生化学的性状を調べた．分離された菌株 21CYCFAH17_S^T は，偏性嫌気性，グラム陽性，ブドウ球菌であり，25CYCFAH16^T は偏性嫌気性，グラム陽性，有芽胞，球桿菌であった．16S rRNA 遺伝子配列による解析から，21CYCFAH17_S^T 株は，*Hominimerdicola aceti* DSM 102216^T (95.3%)と，25CYCFAH16^T 株は，*Ruminococcus champanellensis* 18P13^T （94.3%）と 16S rRNA 遺伝子配列の相同性が最も高かった．ゲノム解析により，25CYCFAH16^T 株は *Ruminococcus* 属と，21CYCFAH17_S^T 株は *Hominimerdicola* 属とクラスターを形成した. 以上の結果より, 21CYCFAH17_S^T 株を新菌種 *Hominimerdicola intestinalis*，25CYCFAH16^T 株を新菌種 *Ruminococcus sporogenes* として命名提案する予定である．本研究は AMED が実施する次世代治療・診断実現のための創薬基盤技術開発事業の支援によって行われた.

日本ワインのテロワールに関与する酵母の多様性と醸造特性の解明

○柴山洋翔[1,*]，乙黒美彩[1]

[1]山梨大学ワイン科学研究センター，*製品評価技術基盤機構バイオテクノロジーセンター（現所属）

ワイン醸造ではブドウ畑の自然環境がワインの個性に大きく影響すると考えられている．この概念をテロワールと呼ぶ．海外のワイン生産地での研究成果から，ブドウ果実に棲息する酵母がテロワールの要素の一つであることが示唆されてきた（微生物テロワール）．しかしながら，日本のワイン用ブドウに棲息する酵母の多様性に関する報告は乏しく，地域特有の酵母とワインの個性との関係性も明らかではない．

本研究では，日本のワイン用ブドウに棲息する酵母の多様性や分布の特性を把握するため，国内 4 カ所のワイン生産地のブドウから酵母を分離し，同定を行った．合計 17 属 28 種 3,066 菌株の酵母が分離された．得られた *Saccharomyces cerevisiae* 株については inter-delta PCR 解析を行い，地域ごとに遺伝子型が異なることを見出した．また，分離株の応用利用の可能性を探るため，*S. cerevisiae* と非 *Saccharomyces* 属酵母の発酵性や香気成分生産性を醸造試験により明らかにした．本研究の成果は，日本のワイン生産地における酵母の多様性に関する理解を深め，微生物テロワール解明の一助になるものである．

Aspergillus fumigatus における交配技術の確立と遺伝学的な新規アゾール耐性機構の同定

○内田百岳[1]，柴田紗帆[1]，荒添貴之[2]，鎌倉高志[2]，高橋弘喜[1,3,4]

[1] 千葉大真菌，[2] 東理大理工，[3] 千葉大分子キラル，[4] 千葉大植物科学

Aspergillus fumigatus は肺アスペルギルス症の原因となる糸状菌であり，世界の年間死者数は 34 万人に及ぶ．本菌の治療にはアゾール系抗菌剤が第一選択薬として使用されており，この薬剤は真菌細胞膜の必須構成脂質であるエルゴステロールの生合成に関わる酵素 Cyp51 に結合して活性を阻害する．一部の分離株で *Cyp51* のコーディング配列やプロモーター配列への変異によるアゾール耐性化が報告されていることに加え，代謝経路のより上流に位置する Hmg1 の変異によるアゾール耐性機構も報告されている．しかしながら，約半数の耐性株ではこれらの遺伝子に変異が見られず，新規メカニズムの存在が示唆される．

本研究では，交配によるゲノム組換えを利用してゲノム領域を絞り込むことで新規のアゾール耐性メカニズムを同定する．アゾール感性臨床分離株と耐性分離株との 95 通りの総当たり的交配のうち，すでに 10 通りで F_1 後代株が得られており，これらの株の比較ゲノム解析の結果，アゾール耐性の責任遺伝子を含むと予想される遺伝子領域が絞り込まれた．この領域内においてアミノ酸レベルの変異を生じる遺伝子を候補遺伝子として遺伝子改変実験を実施中である．

細胞内共生 Clostridia 綱細菌の発見とゲノム縮小過程の解明

○高橋一樹[1,2]，丸岡 直弥[1]，元位美夢[1]，堀川雄太郎[1]，大熊盛也[2]，本郷裕一[1,2]

[1]東京科学大学 生命理工学院，[2]理研 BRC-JCM

細菌の偏性細胞内共生体への進化はしばしば見られ，一般に大規模なゲノム縮小と代謝能の縮退を伴っているが，その進化プロセスと収斂性には不明な点も多い．本研究では，FISH（fluorescence in situ hybridization）解析および公開データベースの探索により，Clostridia綱Oscillospiraceae科内に，シロアリや反芻動物消化管内の原生生物に共生する，3つの細胞内共生系統群を発見した．ゲノム解析の結果，これら3系統群はゲノムサイズが0.8–1.5 Mbpまで縮小し，アミノ酸や補酵素，核酸等の生合成経路の多くを欠損していたことから，共通して片利共生ないしは寄生的な生態を持っていると考えられた．当該系統群はほとんどが反芻動物やヒト由来のメタゲノム由来再構成ゲノム配列（MAG）からなり，真核生物–細菌間の寄生関係は動物消化管生態系を形作る要素の一つであることが示された．また祖先形質復元解析により，宿主依存的な生態への移行時，ヒスチジンやロイシン，アルギニンの合成能の低下という共通の初期イベントがあったことが明らかとなった．本発表ではこの他，個々の系統群に着目した比較ゲノム解析により，細胞内共生に伴い生じるゲノム進化の可能性を考察する．

モンツキダニ科ササラダニ由来の新規共生細菌とその宿主細菌の解析

○松尾恵里子[1]，飯田敏也[2]，雪　真弘[2]，野田悟子[1]，大熊盛也[2]
[1]茨城大学大学院理工学研究科，[2]理研 BRC-JCM

Minisyncoccota 門（旧 Candidate Phyla Radiation）の中で培養例が報告されている数少ない系統として，Saccharibacteria（TM7）が知られている．TM7 は放線菌を宿主とする小型の共生細菌で，多様な生態系に広く存在することが知られているものの，分離培養例の多くはヒト口腔由来に限られ，自然環境由来株の知見は限定的である．我々は，理研筑波事業所構内より採取したモンツキダニ科ササラダニ類の粉砕物を分離源として各種条件下で培養し，クリーム色のコロニー（DRL3H 株）の周辺に生育する複数の小さなコロニー（DRL3S 株）を見出した．16S rRNA 遺伝子配列（16S）の解析により，DRL3H 株は Microbacteriaceae 科の放線菌, DRL3S 株は TM7 の一種であることが示され, セミの抜け殻由来の TM7i 株（16S 相同性:93.5%）や銅鉱山排水由来メタゲノムデータの AMD02（16S 相同性:93.9%）とクラスターを形成した．定量 PCR による共培養下での増殖評価および FISH 観察を行った結果，DRL3S 株は DRL3H 株存在下でのみ増殖可能であり，DRL3H 株細胞表面に付着する寄生的な様式を示すことが明らかとなった．またゲノム解析から，主要な代謝経路の多くを欠損しており，ゲノムが縮小化していることが明らかになった．本発表では，DRL3S 株および DRL3H 株の新規性と生態学的特徴について報告する．

難培養性黒色酵母の生活環の解明と新規探索源について

○橋本　陽，大熊盛也

理研 BRC-JCM

黒色酵母は細胞内にメラニン色素をもち，培養条件に応じて糸状菌状と酵母状の形態を切り替える可塑的な生活史をもつ．本菌群の多くは貧栄養・乾燥・紫外線・放射線といったストレス耐久性をもつこと極限的な環境に耐えうる性質を有し，汚染土壌や都市環境のコンクリートブロックや街路樹の葉面などにシアノバクテリアや藻類と共にバイオフィルムとして定着することが知られている．一方で、本菌群は生育がきわめて遅いため，特定の普遍種を除き分離株の確立が難しく，既報の種が再び採集されることも稀であった．結果として，多くの種について生態的実態の解明が十分に進んでいない．さらに，環境中の多様な基質から黒色酵母は DNA 配列としては定量ながら普遍的に検出されるため，DDBJ には unidentified fungus として未同定の配列が急増しつつある．演者らは既知の黒色酵母の生活環の解明と新規探索源として海岸の岩，松脂，葉面などを対象に黒色酵母の分離を試みた．結果として，マルトースや微量元素を含む培地でどの分離基質からも黒色酵母は低頻度で分離されることが明らかにされた．本発表ではその中の代表種について報告する．

真菌類の新門系統の探索：藍藻寄生性ツボカビ *Rhizosiphon* 属菌の分子系統解析

瀬戸健介
横浜国立大学総合学術高等研究院

Rhizosiphon 属は *Dolichospermum* spp.などのネンジュモ目藍藻に寄生する真菌であり，ツボカビ類の一属として認識されてきた．近年 rDNA 領域の塩基配列を用いた分子系統解析により，本属菌が狭義のツボカビ門に属さずに新規系統群をなすことが示唆されたが，解析精度が足りず正確な系統的位置は未解明である．そこで本研究では，シングルセルゲノム解析を行うことで，大規模系統解析により *Rhizosiphon* 属菌の系統的位置を明らかにすることを目指した．

2024，2025 年の 7–10 月に琵琶湖，白樺湖，諏訪湖にて採集した湖水より，*Dolichospermum* 属藍藻に寄生する *Rhizosiphon* 属の全 3 種, *R. crassum*（栄養細胞特異的）, *R. akinetum*（アキネート特異的）, *R. anabaenae*（ヘテロシストに隣接した栄養細胞にのみ寄生）を発見した．これまでに，*R. crassum* および *R. akinetum* についてシングルセルゲノム解析によりゲノムの構築に成功している．得られたゲノムを用いて大規模系統解析を行った結果，*Rhizosiphon* 属菌は真菌類のいずれの門にも属さない新門相当の新規系統群をなすことが分かった．本研究により，難培養性の真菌類のさらなる解析が真菌類の新規系統群の探索に重要であることが示された．現在，*R. anabaenae* についてもシングルセルゲノム解析が進行中で，その結果もあわせて報告したい．

ヤエヤマシロアリから単離された *Pseudolactococcus yaeyamensis* の野外コロニーにおける存在頻度と存在量

○大賀聖也，野田悟子
茨城大・院理工

シロアリは後腸に生息する微生物と複雑な共生関係を築いていることが知られている．共生微生物の多くは難培養性であるが、培養を行うと乳酸菌類が優先して単離されることが報告されている．これまでに我々は，沖縄県西表島で採集したヤエヤマシロアリから *Pseudolactococcus yaeyamensis* RyT2 株を単離し，新種として記載した. 本研究では, 野外の宿主シロアリにおける本種の検出頻度と相対存在量を調査した.

定量 PCR による特異的検出では，野外の宿主コロニーの 71.4％（n=14）から *P. yaeyamensis* が検出された. 本種が検出された宿主コロニーにおいて, 全細菌に対する *P. yaeyamensis* の相対存在量は 0.008~0.394％であった．また Kruskal-Wallis 検定の結果，相対存在量に宿主コロニーによる有意差は見られなかった.

これらの結果から，*P. yaeyamensis* は共生微生物群集の中で存在量は多くないものの、宿主シロアリに広く分布していることが明らかになった. 非優占種である *P. yaeyamensis* が野外の宿主シロアリから高頻度で検出されることから、本種は腸内共生系において重要な役割を果たす可能性が推定される.

日本微生物資源学会
公益財団法人発酵研究所 学会・研究部会助成
公開シンポジウム
微生物の新たな可能性探索
令和 8 年 3 月 2 日
発行　日本微生物資源学会
〒260-8673 千葉県中央区亥鼻 1-8-1
千葉大学真菌医学研究センターバイオリソース管理室
電話：043-226-2788