

---

## 学会からのお知らせ

---

# プライマイクロ・データベース (PriMicro Database) の構築 — 微生物の分類同定・分子系統解析に有用なプライマー情報の収集 —

佐藤豊三

独立行政法人農業生物資源研究所遺伝資源センター 〒305-8602 茨城県つくば市観音台 2-1-2

## Development of PriMicro Database — Collection of information on primers useful for classification, identification and molecular phylogenetic analyses of microbes —

Toyozo Sato

Genetic Resources Center, National Institute of Agrobiological Sciences  
2-1-2 Kannondai, Tsukuba, Ibaraki 305-8602, Japan

今年6月27日に行われた平成25年度の日本微生物資源学会 (JSCC) 総会において、本学会の学術事業の一つとして標記データベースの構築を提案させて頂いたところ、幸い会員の方々にご賛同を頂いた。そこで、本稿ではこのデータベースの目的や概要を説明し、構築に際して学会内外の関係各位のご理解とご協力を仰ぎたい。

### 背景

近年、微生物の分子系統解析が進み、分類同定にはシーケンスデータが欠かせなくなった。しかし、分類群によって利用するバーコードDNA領域・遺伝子が異なるため、それらのプライマー情報を文献などから探し出さなくてはならない。菌類では、genealogical concordance phylogenetic species recognition (Taylor *et al.*, 2000) が提唱されて以来、菌群ごとに組み合わせの異なる複数のDNA領域・遺伝子が利用されているのが現状である (Ban *et al.*, 2010; Sato *et al.*, 2012; Sato & Moriwaki, 2013)。程度の差はあれ、細菌でも同様の状況にある (Bakir *et al.*, 2008; Hung *et al.*, 2011; Yoon *et al.*, 2010)。このような背景から、以前よりプライマー情報のデータベース化に対する潜在的要望は少なからずあり、整備すればプライマー検索の手間が省けるため、需要は高いと予想される。

### 目的

多種多様な微生物株を研究対象とするJSCCの学会活動の一環として、上記データベースを構築しウェブサイトから無料公開する。これにより広く微生物の分類同定を助けるとともに、JSCC機関会員が保有する対照微生物株の利用促進を図る。

### 概要

1. データセットと検索項目等は表1に示した。構造はリレーショナルデータベースとする。
2. 事務局は発案者の前学術企画理事と情報担当理事で構成し、技術的な顧問を菅原秀明氏に依頼する。
3. 情報の収集は最初、事務局が主体となってJSCC内から募り、構築したプロトタイプをベースに役員を通じて日本微生物系統分類研究会など他学会・分類研究者個人等に収集範囲を広げる。
4. 1年後を目途に、JSCCのウェブサイトから初めは一覧表掲示の形で公開し、主な微生物種類のプライマー情報が揃ってきた後にデータベースに切り替える。
5. データベース公開後は日本微生物資源学会誌に新規分を連載し、それをデータベースに追加更新する。すなわち、半年ごとに更新する。
6. 分類群の学名は原則としてNCBI Taxonomy ID等を利用するが、各微生物種類で通用しているデータベース等を利用しても良い。

E-mail: s1043@affrc.go.jp

表1 プライマイクロ・データベースのデータセットとその例

Property	Input	Search	Table		
unique	auto		ID	123456	
mandatory	pull-down	OK	Kingdom 生物界等	Fungi	
mandatory	code	OK	Genus etc. 属等	Colletotrichum	Glomerellaceae
arbitrary	direct	OK	Intragenetic group 属以下の分類群	the <i>C. acutatum</i> species complex	
mandatory	code	OK	Gene name 遺伝子名 (略称)	Beta-tubulin-2	TUB2
mandatory	code	OK	Primer name プライマー名	T1	Bt2b
mandatory	code		Primer sequence プライマー配列 (ペア)	AACATGCGTGAGATTGTA AGT	ACCCTCAGTGTAGTGACC CTTGCC
arbitrary	direct	OK	Reference strain 対照株	MAFF 242590	<a href="http://www.gene.affrc.go.jp/databases-micro_search_detail.php?maff=242590">http://www.gene.affrc.go.jp/databases-micro_search_detail.php?maff=242590</a>
mandatory	direct		Reference 出典	Glass, N.L. & Donaldson, G. 1995. Development of primer sets designed for use with CR to amplify conserved genes from filamentous ascomycetes. <i>Applied and Environmental Microbiology</i> 61: 1323-1330.	O'Donnell, K. & Cigelnik, E. 1997. Two divergent intragenomic rDNA ITS2 types within a monophyletic lineage of the fungus <i>Fusarium</i> are nonorthologous. <i>Molecular Phylogenetics and Evolution</i> 7: 103-116.
arbitrary	direct		Literature 参考文献	Damm, U., Cannon, P.F., Woudenberg, J.H.C. & Crous, P.W. 2012. The <i>Colletotrichum acutatum</i> species complex. <i>Studies in Mycology</i> 73: 37-113.	
arbitrary	direct	OK	Related ID 関連プライマー ID (複数可)*	123457, 123458, 123459, 123460	
arbitrary	direct		Note 備考	Barcode for this species complex	

\*セットで使われる領域・遺伝子用

なお、現在、本データベースがNITEバイオテクノロジーセンターNBRCのサーバで稼働できるか検討されている。以上、要点のみ述べたが、より良いデータベースにするため、ご質問・ご意見、あるいはプライマー情報の収集に関するご提案などをぜひお寄せいただきたい (連絡先 e メール: s1043@affrc.go.jp)。

## 文献

Bakir, M.A., Sakata, S. & Benno, Y. 2008. Molecular and phenotypic approaches to identify *Pseudomonas* strains. *Microbial. Cult. Coll.* **24**: 95-104.

Ban, S., Yamaguchi, K., Okane, I., Nakagiri, A., Tabuchi, Y., Genra, M., Shimamura, K., Mayuzumi, S., Yokoyama, F., Suzuki, R., Inaba, S. & Tsurumi, Y. 2010. Re-identification of *Hypocrea/Trichoderma* strains preserved at the NBRC collection. *Microbiol. Cult. Coll.* **26**: 119-124.

Hung, P.V., Zhang, J., Hayashi, M., Yoshida, S., Ohkusu, K. & Ezaki, T. 2011. Genetic relatedness and identification of clinical strains of genus *Campylobacter* based on *dnaJ*, 16S rRNA, *groEL*, and *rpoB* gene sequences. *Microbiol. Cult. Coll.* **27**: 1-12.

- Sato, T., Moriwaki, J., Uzuhashi, S., Degawa, Y., Ono, T. & Nishimura, K. 2012. Molecular phylogenetic analyses and morphological re-examination of strains belonging to three rare *Colletotrichum* species in Japan. *Microbiol. Cult. Coll.* **28**: 121-134.
- Sato, T. & Moriwaki, J. 2013. Molecular re-identification of strains in NIAS Genebank belonging to phylogenetic groups A2 and A4 of the *Colletotrichum acutatum* species complex. *Microbiol. Cult. Coll.* **29**: 13-23.
- Taylor, J.W., Jacobson, D.J., Kroken, S., Kasuga, T., Geiser, D.M., Hibbett, D.S. & Fisher, M.C. 2000. Phylogenetic species recognition and species concepts in Fungi. *Fungal Genet. Biol.* **31**: 21-31.
- Yoon, J., Kasai, H. & Yokota, A. 2010. Phylogenetic interrelationships of the genus *Rubritalea* inferred from 16S rRNA and *gyrB* gene sequences. *Microbiol. Cult. Coll.* **26**: 89-95.