

Title	都市環境における微生物群集の多様性とダイナミクス
Sub Title	Diversity and dynamics of microbial communities in urban environments
Author	鈴木, 治夫(Suzuki, Haruo)
Publisher	慶應義塾大学
Publication year	2019
Jtitle	学事振興資金研究成果実績報告書 (2018.)
JaLC DOI	
Abstract	<p>2018年6月21日 Global City Sampling Day (CSD) に、日本の各都市 (仙台、茨城、千葉、東京、静岡、愛知、島根、山口、高知、大分、沖縄など) の建造環境からサンプルを採取した。ここには、仙台市の地下鉄の駅、研究所や大学 (東北大学、東京工業大学、東京農業大学、東京理科大学) のラボやトイレ、新宿や渋谷のライブハウス、山口YCAMの施設などが含まれる。サンプルは、-80℃まで冷却可能な超低温フリーザーに保存した後、ドライアイス梱包にて米国 (Weill Cornell Medicine) へ送付した。batch effectを最小化するために、サンプル処理 (DNA抽出、ライブラリ調製、シーケンシング) を同一施設で実施する。都市建造環境のメタゲノム配列データの解析により、薬剤耐性遺伝子の拡散に寄与するプラスミドの分布を明らかにし、微生物群集のライフスタイルの都市間差を推定する。そこで、これまでに報告されているプラスミドと宿主細菌に関連する遺伝子、および公的なリソース (プラスミドのデータベースとパイオインフォマティクス・ツール) に関する総説論文を出版した (Yano et al. 2018)。</p> <p>また、これまでに建築環境で同定された細菌のゲノムの特徴を解析した (Merino et al., 2019)。細菌が同定された建築環境には、地下鉄、病院、住宅、公共レクリエーション施設 (ジム・フィットネスセンター)、クリーンルームなどが含まれる。(細菌の増殖速度を反映する) 高発現遺伝子のコドン使用バイアスは、「建築環境の細菌ゲノム」で「他の細菌ゲノム」よりも高い傾向を示したことから、建築環境に生息する細菌のライフスタイルを理解する上でより重要な役割を果たすと考えられる。</p> <p>これまでに得られた都市建造環境のメタゲノム配列データを用いて、プラスミドとコドン使用バイアスの解析を行い、現在、MetaSUB国際コンソーシアム (http://metasub.org/) のメンバーと共著論文を執筆している。</p> <p>On June 21, 2018 (Global City Sampling Day http://metasub.org/city-sampling-day/), we collected samples from built environments in several cities in Japan (Sendai, Ibaraki, Chiba, Tokyo, Shizuoka, Aichi, Shimane, Yamaguchi, Kochi, Oita, and Okinawa). They included Sendai subway stations, labs and toilets in research institutes and universities (Tohoku University, Tokyo Institute of Technology, Tokyo University of Agriculture, and Tokyo University of Science), live houses in Shinjuku and Shibuya, and facilities in YCAM Bio Research - Yamaguchi Center for Arts and Media [YCAM] (http://www.ycam.jp/en/projects/ycam-bio-research/), etc. The samples were at -80°C and then sent to Weill Cornell Medicine using Deep Frozen Shipping by FedEx. In order to reduce any batch effects all consortium sample processing (DNA and RNA Extraction, Library Preparation, and Sequencing using Illumina HiSeq next-generation shotgun sequencing technology) will occur at the same MetaSUB lab.</p> <p>The shotgun metagenomic sequencing data generated from the project will be used to address the key aims of my study: to identify and track drug resistance plasmids and to predict microbial lifestyles in urban built environments across all the MetaSUB cities. Thus, we summarize current knowledge of genetic elements of plasmids and host bacteria, and publicly available resources, plasmid data, and bioinformatics tools (Yano et al. 2018).</p> <p>We also investigate genomic features (genome size, GC content, replication strand skew, and codon usage bias) of bacteria commonly identified in the built environment (BE), providing a first step towards understanding these bacterial lifestyles (Merino et al., 2019). The bacterial genera have been commonly identified in BE, ranging from various locations around the world and covering four major BE locations (indoor, outdoor, underground, and extreme), several sub-locations (e.g. hospital, residential, recreation, space, subway, and cleanroom). The strength of codon usage bias of highly expressed genes (S value, reflecting bacterial growth rates) was higher in the "Common BE bacterial genomes" compared to the "Other bacterial genomes." Of the four genomic features tested, the S value could play a more important role in understanding the lifestyles of bacteria living in the BE.</p> <p>We performed plasmid and codon usage analyses using metagenomic sequence data of urban built environments, and are now writing our manuscript with members of MetaSUB consortium (http://metasub.org/).</p>

Notes	
Genre	Research Paper
URL	https://koara.lib.keio.ac.jp/xoonips/modules/xoonips/detail.php?koara_id=2018000005-20180115

慶應義塾大学学術情報リポジトリ(KOARA)に掲載されているコンテンツの著作権は、それぞれの著作者、学会または出版社/発行者に帰属し、その権利は著作権法によって保護されています。引用にあたっては、著作権法を遵守してご利用ください。

The copyrights of content available on the KeiO Associated Repository of Academic resources (KOARA) belong to the respective authors, academic societies, or publishers/issuers, and these rights are protected by the Japanese Copyright Act. When quoting the content, please follow the Japanese copyright act.

研究代表者	所属	環境情報学部	職名	准教授（有期）	補助額	300（A）千円
	氏名	鈴木 治夫	氏名（英語）	Haruo Suzuki		
研究課題（日本語）						
都市環境における微生物群集の多様性とダイナミクス						
研究課題（英訳）						
Diversity and dynamics of microbial communities in urban environments						
1. 研究成果実績の概要						
<p>2018年6月21日 Global City Sampling Day (CSD) に、日本の各都市（仙台、茨城、千葉、東京、静岡、愛知、島根、山口、高知、大分、沖縄など）の建造環境からサンプリングを実施した。ここには、仙台市の地下鉄の駅、研究所や大学（東北大学、東京工業大学、東京農業大学、東京理科大学）のラボやトイレ、新宿や渋谷のライブハウス、山口 YCAM の施設などが含まれる。サンプルは、-80°C まで冷却可能な超低温フリーザーに保存した後、ドライアイス梱包にて米国（Weill Cornell Medicine）へ送付した。batch effect を最小化するために、サンプル処理（DNA 抽出、ライブラリ調製、シーケンシング）を同一施設で実施する。</p> <p>都市建造環境のメタゲノム配列データの解析により、薬剤耐性遺伝子の拡散に寄与するプラスミドの分布を明らかにし、微生物群集のライフスタイルの都市間差を推定する。そこで、これまでに報告されているプラスミドと宿主細菌に関連する遺伝子、および公的なリソース（プラスミドのデータベースとバイオインフォマティクス・ツール）に関する総説論文を出版した（Yano et al. 2018）。</p> <p>また、これまでに建築環境で同定された細菌のゲノムの特徴を解析した（Merino et al., 2019）。細菌が同定された建築環境には、地下鉄、病院、住宅、公共レクリエーション施設（ジム・フィットネスセンター）、クリーンルームなどが含まれる。（細菌の増殖速度を反映する）高発現遺伝子のコドン使用バイアスは、「建築環境の細菌ゲノム」で「他の細菌ゲノム」よりも高い傾向を示したことから、建築環境に生息する細菌のライフスタイルを理解する上でより重要な役割を果たすと考えられる。</p> <p>これまでに得られた都市建造環境のメタゲノム配列データを用いて、プラスミドとコドン使用バイアスの解析を行い、現在、MetaSUB 国際コンソーシアム (http://metasub.org/) のメンバーと共著論文を執筆している。</p>						
2. 研究成果実績の概要（英訳）						
<p>On June 21, 2018 (Global City Sampling Day http://metasub.org/city-sampling-day/), we collected samples from built environments in several cities in Japan (Sendai, Ibaraki, Chiba, Tokyo, Shizuoka, Aichi, Shimane, Yamaguchi, Kochi, Oita, and Okinawa). They included Sendai subway stations, labs and toilets in research institutes and universities (Tohoku University, Tokyo Institute of Technology, Tokyo University of Agriculture, and Tokyo University of Science), live houses in Shinjuku and Shibuya, and facilities in YCAM Bio Research – Yamaguchi Center for Arts and Media [YCAM] (http://www.ycam.jp/en/projects/ycam-bio-research/), etc. The samples were at -80° C and then sent to Weill Cornell Medicine using Deep Frozen Shipping by FedEx. In order to reduce any batch effects all consortium sample processing (DNA and RNA Extraction, Library Preparation, and Sequencing using Illumina HiSeq next-generation shotgun sequencing technology) will occur at the same MetaSUB lab.</p> <p>The shotgun metagenomic sequencing data generated from the project will be used to address the key aims of my study: to identify and track drug resistance plasmids and to predict microbial lifestyles in urban built environments across all the MetaSUB cities. Thus, we summarize current knowledge of genetic elements of plasmids and host bacteria, and publicly available resources, plasmid data, and bioinformatics tools (Yano et al. 2018).</p> <p>We also investigate genomic features (genome size, GC content, replication strand skew, and codon usage bias) of bacteria commonly identified in the built environment (BE), providing a first step towards understanding these bacterial lifestyles (Merino et al., 2019). The bacterial genera have been commonly identified in BE, ranging from various locations around the world and covering four major BE locations (indoor, outdoor, underground, and extreme), several sub-locations (e.g. hospital, residential, recreation, space, subway, and cleanroom). The strength of codon usage bias of highly expressed genes (S value, reflecting bacterial growth rates) was higher in the “Common BE bacterial genomes” compared to the “Other bacterial genomes.” Of the four genomic features tested, the S value could play a more important role in understanding the lifestyles of bacteria living in the BE.</p> <p>We performed plasmid and codon usage analyses using metagenomic sequence data of urban built environments, and are now writing our manuscript with members of MetaSUB consortium (http://metasub.org/).</p>						
3. 本研究課題に関する発表						
発表者氏名 (著者・講演者)	発表課題名 (著書名・演題)	発表学術誌名 (著書発行所・講演学会)	学術誌発行年月 (著書発行年月・講演年月)			
Merino N, Zhang S, Tomita M, Suzuki H.	Comparative genomics of Bacteria commonly identified in the built environment.	BMC Genomics.	2019 Jan 28			