

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	2020
Jtitle	学事振興資金研究成果実績報告書 (2019. )
JaLC DOI	
Abstract	<p>Metagenomics &amp; Metadesign of Subways &amp; Urban Biomes (MetaSUB) 国際コンソーシアムのプロジェクトの一環として、毎年6月21日 Global City Sampling Day (gCSD) に世界の都市交通システムから微生物群集サンプルを採取してきた。2019年6月21日 (金) に日本国内の各都市の人工環境 (大学、病院、地下鉄やバスなどの都市交通システム) の表面から微生物群集サンプルを採取した。季節変動を評価するために、ラグビーワールドカップ日本大会 (2019年9月20日から11月2日) 開催期間前後 (秋/冬) に、gCSD (夏) と同じ地点 (W杯開催会場に最寄りの公共交通機関) から微生物群集サンプルを採取した。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、FedExのドライアイス梱包にて米国 Weill Cornell Medicine に送付した。バッチ効果 batch effect を最小限に抑えるために、サンプル処理 (DNAとRNAの抽出、ライブラリ調製、Illumina HiSeqシステムを用いたショットガン・メタゲノミクス・シーケンシング) は同一施設で実施する。</p> <p>世界58都市から採取した3,741サンプルの微生物群集メタゲノム配列データを解析し、以下の点を明らかにした (Danko et al., The International MetaSUB Consortium, 2019) :</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>- 都市環境の微生物群集は、人間の皮膚や土壌の微生物群集とは明らかに異なり、ほとんどの都市で共通のコアな61種の微生物を含む。</li> <li>- マイクロバイオームの由来する都市を91.4%の精度で予測できる。</li> <li>- 可動性遺伝因子 (プラスミド) 上の抗菌薬耐性遺伝子の頻度は都市間で数オーダー異なる。</li> </ul> <p>ニューヨーク市 (NYC) の地下鉄の表面に最も多く存在する細菌種は <i>Pseudomonas stutzeri</i> であった。新たにゲノム配列決定された菌株SCTを含む <i>Pseudomonas stutzeri</i> 種のゲノム配列比較解析を行い、バイオレメディエーションへの応用可能性を示した (Harada et al. 2019)。</p> <p>As a part of The MetaSUB (Metagenomics &amp; Metadesign of Subways &amp; Urban Biomes) International Consortium project, the annual Global City Sampling Day (gCSD), we have been collecting samples in built environments such as mass-transit systems around the globe. On Friday, June 21, 2019, microbial community samples were collected from the surfaces of built environments (universities, hospitals, and urban transit systems such as subways and buses) in various cities in Japan. To assess seasonal variation, we collected samples in public transit systems nearby Rugby World Cup 2019 venues. The time frames overlap the Rugby World Cup (from 20th September to 2nd November). The samples were at -80°C and then sent to Weill Cornell Medicine using Deep Frozen Shipping by FedEx. To minimize batch effects, all consortium sample processing (DNA and RNA extraction, library preparation, and shotgun sequencing using Illumina HiSeq systems) occur at the same MetaSUB lab.</p> <p>We analyzed 3,741 metagenomic samples from built environments in 58 cities (Danko et al., The International MetaSUB Consortium, 2019) and the main findings are as follows:</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>- The microbial communities of urban environments are clearly different from those of human skin or soils, containing 61 "core" species commonly identified in most cities.</li> <li>- Metagenomic samples can be classified to their city-of-origin with an accuracy of 91.4%.</li> <li>- Frequencies of antimicrobial resistance genes present on mobile genetic elements (plasmids) varies across cities by several orders of magnitude.</li> </ul> <p>The most prevalent bacterial species on surfaces across the entire New York City (NYC) subway system was <i>Pseudomonas stutzeri</i>. We performed comparative genomic analysis of the species <i>Pseudomonas stutzeri</i> including its newly sequenced strain SCT, and showed a possible use for bioremediation (Harada et al. 2019).</p>
Notes	
Genre	Research Paper

URL

[https://koara.lib.keio.ac.jp/xoonips/modules/xoonips/detail.php?koara\\_id=2019000007-20190099](https://koara.lib.keio.ac.jp/xoonips/modules/xoonips/detail.php?koara_id=2019000007-20190099)

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	200 (B) 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>Metagenomics &amp; Metadesign of Subways &amp; Urban Biomes (MetaSUB) 国際コンソーシアムのプロジェクトの一環として、毎年 6 月 21 日 Global City Sampling Day (gCSD) に世界の都市交通システムから微生物群集サンプルを採取してきた。2019 年 6 月 21 日 (金) に日本国内の各都市の人工環境 (大学、病院、地下鉄やバスなどの都市交通システム) の表面から微生物群集サンプルを採取した。季節変動を評価するために、ラグビーワールドカップ日本大会 (2019 年 9 月 20 日から 11 月 2 日) 開催期間前後 (秋/冬) に、gCSD (夏) と同じ地点 (W 杯開催会場に最寄りの公共交通機関) から微生物群集サンプルを採取した。サンプルは、<math>-80^{\circ}\text{C}</math> まで冷却可能な超低温フリーザーに保存した後、FedEx のドライアイス梱包にて米国 Weill Cornell Medicine に送付した。バッチ効果 batch effect を最小限に抑えるために、サンプル処理 (DNA と RNA の抽出、ライブラリ調製、Illumina HiSeq システムを用いたショットガン・メタゲノミクス・シーケンシング) は同一施設で実施する。</p> <p>世界 58 都市から採取した 3,741 サンプルの微生物群集メタゲノム配列データを解析し、以下の点を明らかにした (Danko et al., The International MetaSUB Consortium, 2019):</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>都市環境の微生物群集は、人間の皮膚や土壌の微生物群集とは明らかに異なり、ほとんどの都市で共通のコアな 61 種の微生物を含む。</li> <li>マイクロバイオームの由来する都市を 91.4% の精度で予測できる。</li> <li>可動性遺伝因子 (プラスミド) 上の抗菌薬耐性遺伝子の頻度は都市間で数オーダー異なる。</li> </ul> <p>ニューヨーク市 (NYC) の地下鉄の表面に最も多く存在する細菌種は <i>Pseudomonas stutzeri</i> であった。新たにゲノム配列決定された菌株 SCT を含む <i>Pseudomonas stutzeri</i> 種のゲノム配列比較解析を行い、バイオレメディエーションへの応用可能性を示した (Harada et al. 2019)。</p>						
2. 研究成果実績の概要 (英訳)						
<p>As a part of The MetaSUB (Metagenomics &amp; Metadesign of Subways &amp; Urban Biomes) International Consortium project, the annual Global City Sampling Day (gCSD), we have been collecting samples in built environments such as mass-transit systems around the globe. On Friday, June 21, 2019, microbial community samples were collected from the surfaces of built environments (universities, hospitals, and urban transit systems such as subways and buses) in various cities in Japan. To assess seasonal variation, we collected samples in public transit systems nearby Rugby World Cup 2019 venues. The time frames overlap the Rugby World Cup (from 20th September to 2nd November). The samples were at <math>-80^{\circ}\text{C}</math> and then sent to Weill Cornell Medicine using Deep Frozen Shipping by FedEx. To minimize batch effects, all consortium sample processing (DNA and RNA extraction, library preparation, and shotgun sequencing using Illumina HiSeq systems) occur at the same MetaSUB lab.</p> <p>We analyzed 3,741 metagenomic samples from built environments in 58 cities (Danko et al., The International MetaSUB Consortium, 2019) and the main findings are as follows:</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>The microbial communities of urban environments are clearly different from those of human skin or soils, containing 61 "core" species commonly identified in most cities.</li> <li>Metagenomic samples can be classified to their city-of-origin with an accuracy of 91.4%.</li> <li>Frequencies of antimicrobial resistance genes present on mobile genetic elements (plasmids) varies across cities by several orders of magnitude.</li> </ul> <p>The most prevalent bacterial species on surfaces across the entire New York City (NYC) subway system was <i>Pseudomonas stutzeri</i>. We performed comparative genomic analysis of the species <i>Pseudomonas stutzeri</i> including its newly sequenced strain SCT, and showed a possible use for bioremediation (Harada et al. 2019).</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)			
Danko et al., The International MetaSUB Consortium	Global Genetic Cartography of Urban Metagenomes and Anti-Microbial Resistance	bioRxiv (doi: <a href="https://doi.org/10.1101/724526">https://doi.org/10.1101/724526</a> )	October 04, 2019			
Harada M, Ito K, Nakajima N, Yamamura S, Tomita M, Suzuki H, Amachi S.	Genomic Analysis of <i>Pseudomonas</i> sp. Strain SCT, an Iodate-Reducing Bacterium Isolated from Marine Sediment, Reveals a Possible Use for Bioremediation.	G3 (Bethesda)	2019 May 7			