

令和 4年 4月 26日

若手研究者海外挑戦プログラム報告書

独立行政法人日本学術振興会 理事長 殿

受付番号 202180103

氏名 小池 至祥

(氏名は必ず自署すること)

若手研究者海外挑戦プログラムによる派遣を終了しましたので、下記のとおり報告いたします。
なお、下記記載の内容については相違ありません。

記

- 1 派遣先: 都市名 Nijmegen (国名 The Netherlands)
- 2 研究課題名 (和文) : 培養とメタオミクス解析で開拓する硝化細菌群の生理生態
- 3 派遣期間: 令和 3年 12月 1日 ~ 令和 4年 3月 26日 (116日間)
- 4 受入機関名・部局名: Department of Microbiology, Faculty of Science, Radboud University
- 5 派遣先で従事した研究内容と研究状況 (1/2 ページ程度を目安に記入すること)

窒素循環の一角を担う硝化細菌の生理生態を解明するために、私は派遣先で培養とメタオミクス解析の両アプローチから課題解決に取り組んだ。本派遣プロジェクトのベースとなる以前の研究において私は、水処理システムへ銅を投与するとアンモニア酸化効率が向上し、銅制限時に優占的であった完全アンモニア酸化細菌 (complete ammonia oxidizer: comammox) が銅投与量増加と共に減少し、一方でアンモニア酸化細菌 (ammonia oxidizing bacteria: AOB) が増加し主要なアンモニア酸化微生物がシフトすることを明らかとした。ComammoxとAOBは共に銅を補酵素とするアンモニア酸化酵素 (ammonia monooxygenase: AMO) を用いてアンモニアを酸化するが、銅投与量の違いによって主要なメンバーが異なる理由は不明であった。そこで、私は「comammoxとAOBの銅ニッチは銅ホメオスタシスの違いに起因するのではないか」と着想した。

本研究では、以前の研究で採取した微生物メタゲノムからcomammoxとAOBのMAG (metagenome assembled genome)を構築し、銅ホメオスタシスに関連する遺伝子の比較を行うメタゲノム解析と、comammoxとAOBを含む実験室規模のリアクターを新規構築・運転し、銅濃度が異なるタイムポイントで得たmRNAを用いて発現している遺伝子の比較を行うメタトランスクリプトーム解析を計画した。メタゲノム解析では、2つのcomammox MAGsと4つのAOB MAGsを構築することに成功し、私が構築した銅ホメオスタシス関連遺伝子データベースを用いて網羅的にcomammoxとAOBの遺伝子比較を行っている最中である。また、リアクターからは銅濃度が異なる5つのタイムポイントにおいてmRNAを抽出しRNAシーケンシングまでを終えた。メタゲノム解析やメタトランスクリプトーム解析は継続して派遣先機関と共同で実施する。

6 研究成果発表等の見通し及び今後の研究計画の方向性 (1/2 ページ程度を目安に記入すること)

派遣期間中の成果は以下の形式で発表を予定している。

・ 国際学会発表

Kazuyoshi Koike, Garrett J. Smith, Ryoko Yamamoto-Ikemoto, Sebastian Lücker, Norihisa Matsuura, Comammox Nitrospira dominate ammonia oxidation in a full-scale groundwater treatment bioreactor under copper limited conditions, 18th International Symposium on Microbial Ecology (ISME18, 14-19 August 2022, Lausanne, Switzerland).

派遣期間中の成果の一部と先行研究の成果を合わせた内容で発表予定。

・ 論文発表

派遣先機関の博士研究員、指導教員、所属機関の指導教員と共同で論文を執筆中。

派遣期間中の成果、派遣先ラボと共同で継続中の成果、所属機関での成果を使って第一著者として2件発表予定。

7 本プログラムに採用されたことで得られたこと (1/2 ページ程度を目安に記入すること)

本派遣は私にとって初の海外長期滞在であった。受入研究者とは国際学会にて初めて話したことをきっかけに共同研究を開始し、本派遣に至るまで連絡を取り続けてきた。渡航の準備、海外での生活、新しい環境での研究は、苦労も多かったが全て非常に貴重な経験となった。

本派遣の最大の収穫は、先進的なバイオインフォマティクスを学び新たな研究テーマに挑戦できたことである。今回取り組んだメタゲノム解析やメタトランスクリプトーム解析は、本研究課題のみならず様々な微生物の遺伝子解析に応用可能であり、研究アプローチの選択肢が大きく広がった。私はこれまでメタゲノム解析やメタトランスクリプトーム解析の経験はなかったが、直接指導をして頂いた博士研究員からスクリプトの書き方、最適な解析方法を選択するための方法や考え方を学び、最終的には一人で解析できるまで成長した。そして、私が考えた研究テーマが硝化微生物研究において世界トップクラスの研究室で認められ、共同でそのテーマを遂行し成果を挙げたことで研究者としての自信が付いた。

そして、派遣先の博士学生、博士研究員、指導教員との人的ネットワークの構築や、日本と異なる研究室文化の経験も本プログラム無くしては得られなかった。派遣先ラボではセミナーとミーティングがそれぞれ週1回開催され、そこではラボメンバーの研究や話題の研究トピックスについて議論した。それらを通して、自分とは異なる考え方や斬新な課題解決方法を学び研究者としての視野が広がった。また、受入研究室と現在の所属研究室とで合同シンポジウムを開催し、両ラボの特徴や研究などを紹介し合ったことで、互いの研究室について理解を深めることができた。

研究だけでなく、言語も文化も日本とは異なる環境で生活したことで、適応力やコミュニケーション能力を磨くことができた。約4ヶ月間という短い期間ではあるが、Radboud UniversityのMicrobiologyグループの一員として活動した本経験は、私の研究者人生において一つのターニングポイントになると確信している。今後は本プログラムの経験を基盤に、より一層研究に精進したいと考えている。