

令和6年度大阪大学微生物病研究所共同研究成果報告書

共同研究代表者	藤田 盛久
所属・職名	岐阜大学 糖鎖生命コア研究所 教授
研究題目	遊離型 GPI の生成メカニズムと構造解析
令和6年度研究成果抄録 <p>遊離型 GPI の生成機構を明らかにするため、CRISPR ノックアウト・スクリーニングを行い、複数の候補遺伝子を得た。現在、遊離型 GPI を発現する親細胞を用いて、これらの候補遺伝子のノックアウトやノックダウンを行い、表現型の確認を行っている。遊離型 GPI の糖鎖構造を解析する手法の検討を行い、質量分析装置にて GPI 糖鎖を検出する方法を確立した。</p>	

共同研究代表者	石川 祐
所属・職名	横浜市立大学 医学研究科 臓器再生医学 助教
研究題目	加齢に伴う卵子透明帯の構造的変化と受精能の解析
令和6年度研究成果抄録 <p>令和6年度は、伊川研が保有している抗体を用いて生殖組織に対する蛍光免疫染色を行った。複数の抗体を用いていくつかの条件を試した結果、至適条件を決定できた。今後も共同研究として抗体等の供与について相談していく予定である。</p>	

共同研究代表者	LOZA LOPEZ MARTIN DE JESUS
所属・職名	The Institute of Medical Science, The University of Tokyo/ Assistant Professor
研究題目	Discovery of antibodies with potential therapeutic applications aided by artificial intelligence
令和6年度研究成果抄録 <p>We collected high-quality SARS-CoV-2 antibody sequence data and used AI models to predict which antibodies can neutralize the virus. One model, AntiBERTa, showed the most promising results. We also extracted useful information from the model to better understand how antibodies work, which will support future research and potential treatments.</p>	

共同研究代表者	川口 茜
所属・職名	国立遺伝学研究所 進化・ゲノム系 分子生命史研究室 助教
研究題目	新規老化モデル動物のゲノム情報整備とそれを利用した老化機構の解析
令和6年度研究成果抄録 <p>短命魚アフリカンターコイズキリフィッシュについて、高精度ロングリード DNA 配列決定技術と Hi-C データ取得技術により、これまで不完全であった同種のゲノム情報を染色体規模に改善し、多様な生命科学研究における真のゲノムワイド解析を可能にする基盤を打ち立てた。</p>	

共同研究代表者	油田 正夫
所属・職名	三重大学 大学院医学系研究科 医動物・感染医学 教授
研究題目	転写因子を用いたマラリア原虫生殖母体形成機構の解明
令和6年度研究成果抄録	
<p>ネズミマラリア原虫 <i>Plasmodium berghei</i> を用いて雄性生殖母体特異的クロマチンリモデリング複合体を LC-MS/MS 解析を中心とした手法で解析し、その全サブユニット構造を明らかにすることに成功した。またそのサブユニットの1つである PbARID をノックアウトし、PbARID が雄生殖母体の形成に必須であることを証明した。</p>	

共同研究代表者	森田 昌知
所属・職名	国立感染症研究所 細菌第一部 主任研究官
研究題目	全ゲノム解読を基盤とした腸炎ビブリオパンデミッククロンの流行特性の解析
令和6年度研究成果抄録	
<p>1996年以降、パンデミッククロンによる腸炎ビブリオの世界的な流行が報告されている。前年度までに、パンデミッククロンに特異的な genomic island を標的とした検出系を開発した。本研究では、この検出系をタイ王国で分離された腸炎ビブリオに適用し、系統解析の結果と併せてその妥当性を評価した</p>	

共同研究代表者	渡邊 真治
所属・職名	国立感染症研究所 インフルエンザ・呼吸器系ウイルス研究センター 室長
研究題目	ポストパンデミック期のインフルエンザウイルスの性状変化について
令和6年度研究成果抄録	
<p>2016年から2019年に分離された A(H1N1)pdm09 インフルエンザウイルスの性状を解析し、ヒト肺由来細胞での増殖性やマウスにおける病原性の違いを明らかにした。その結果、2009年のパンデミック株と比較して、近年の株は病原性が低下していることが示された。</p>	

共同研究代表者	小林 隆志
所属・職名	大分大学医学部 感染予防医学講座 教授
研究題目	感染症、自己免疫疾患における Treg 細胞サブセットの免疫制御機構の解明
令和6年度研究成果抄録	
<p>EAE 発症マウス脳内では、IFN-γ 誘導性に Th1-Treg 分化が促進されることを突き止めた。さらに、VeDTR マウスを用いて、Th1-Treg を選択的に除去すると、病変脳内の T 細胞、浸潤マクロファージの活性化が亢進し、EAE 病態が悪化することを実証した。</p>	

共同研究代表者	金城 武士
所属・職名	琉球大学 大学院医学研究科 感染症・呼吸器・消化器内科学 講師
研究題目	非結核性抗酸菌の迅速・高精度同定法の臨床応用
令和6年度研究成果抄録 <p>共同開発した新規抗酸菌同定法 (mlstverse) による <i>Mycobacterium abscessus</i> species の亜種判別能を検討したところ、ANI と比較して高い判別能を数値化して示すことができた。クラリスロマイシンとアミカシンの薬剤耐性予測はそれぞれ 98%、100%、微量液体希釈法の結果と一致していたが、今後は薬剤耐性株をより多く収集して検討する必要がある。</p>	

共同研究代表者	佐藤 真伍
所属・職名	日本大学 生物資源科学部 獣医学科 獣医公衆衛生学研究室 准教授
研究題目	<i>silico</i> 解析に基づいた野生動物由来 <i>Bartonella henselae</i> の病原関連遺伝子群探索
令和6年度研究成果抄録 <p>本研究では、ファイリマングースおよびハクビシンから分離した <i>Bartonella henselae</i> の全ゲノム配列を決定し、猫ひっかき病患者由来の Houston-1T 株と比較することによってゲノム性状から病原性を推定した。その結果、ファイリマングース由来の 2 株とハクビシン由来の 2 株の病原関連遺伝子群には明確な違いは認められなかった。一方、ファイリマングース由来の HJ58 株では赤血球接着の責任遺伝子である <i>trw</i> オペロンに変異がみられ、<i>trwL2</i> と <i>trwL7</i> が欠失していたとともに <i>trwH2</i> がオペロン内に重複し、<i>trwH1</i> が欠失していた。</p>	