

可動性スーサイドベクターを利用したグラム陰性菌遺伝子欠損株の作製法

矢島 美帆乃¹, 金村 涼平¹, 小椋 義俊², 行木 信一¹

1. はじめに

多くの生物種でゲノム解析が進み、一見、遺伝子情報の「全容」がみえたかに思われるが、いまだに大腸菌の実験室株 (K-12 MG1655) でさえ約3割の遺伝子の機能は明確となっていない (実験的証拠を伴っていない)¹⁾。さらに、大腸菌に関していえば、実験室株と病原性株とでは、ゲノム構成に有意な相違点があり、それぞれの株特有の遺伝子をその株を用いて解析する必要がある。株特有の遺伝子は機能未知である可能性が高く、その機能の解明の第一歩として、その遺伝子の欠損株を作製し何らかの表現型を得ることはいまだ変わりはない。大腸菌に関するゲノム編集技術には、最も古典的なファージを利用した方法から (P1 transduction)²⁾、bacteriophage λ Red由来の recombinase をプラスミドで導入し活用した方法 (one-step inactivation method)³⁾、そして生物種を問わず幅広く使用されている、配列特異的なヌクレアーゼを利用した CRISPR-Cas9 システム⁴⁾ などがある。今回紹介する方法は、古典的でありながら現在も使用されている可動性スーサイド (自滅) ベクターを利用した方法で、特徴として (1) 大腸菌だけでなくさまざまなグラム陰性菌 (実験室株だけでなく野生株に対しても) で実績がある、(2) 接合伝達系を利用しているので、形質転換効率が低い菌株に特に有効である、(3) 選択

マーカー遺伝子を含まないインフレーム (in-frame) 欠損が容易である (極性効果を避けるため、オペロン内での遺伝子欠損に有効^{註1)})、という点が上げられる。また、実験では特別なテクニックは必要なく、簡便かつ安価で行うことができる。最大の欠点は、培養などで約1週間程度、時間がかかってしまうことであるが、実際の1日の作業時間は短く、成功率の高さを考慮すれば大きな欠点とはならないであろう。

しかし、この方法の実践的なプロトコールがなかったため、理屈は知っていても、実験をするのにはハードルが高い“プロ”用の方法と捉えている方が多いであろう。以下、興味ある初心者にもこの方法を応用できるように、当研究室らでより効率化 (update) した方法を詳細に記述した。

2. 実験の概要

今回紹介するスーサイドベクター pABB-CRS2 を用いて遺伝子を欠損させる方法は、阿部章夫教授 (北里大) の欠損株作製法をもとに改良したものである⁵⁾。基本的には、大腸菌 SM10 λ pir 株⁶⁾ と接合が可能なグラム陰性菌であるなら、菌種を問わず遺伝子欠損は可能である (*Bordetella* 属, *Escherichia* 属, *Proteus* 属, *Salmonella* 属, *Vibrio* 属, *Yersinia* 属などで報告がある)。

以下、遺伝子を任意の約20塩基対に置換することで^{註2)}、

¹群馬大学大学院理工学府分子科学部門 (〒376-8515 群馬県桐生市天神町1-5-1)

²久留米大学医学部感染医学講座基礎感染医学部門 (〒830-0011 福岡県久留米市旭町67)

A simplified method for generating gene knockout mutants using a mobilizable suicide vector in Gram-negative bacteria

Mihono Yajima¹, Ryohei Kanemura¹, Yoshitoshi Ogura² and Nobukazu Nameki¹ (Division of Molecular Science, Graduate School of Science and Technology, Gunma University, 1-5-1 Tenjincho, Kiryu-shi, Gunma 376-8515, Japan, ²Division of Microbiology, Department of Infectious Medicine, Kurume University School of Medicine, 67 Asahi-machi, Kurume 830-0011, Japan)

本論文の図版はモノクロ (冊子版) およびカラー (電子版) で掲載。

DOI: 10.14952/SEIKAGAKU.2020.920591

投稿受付日: 2020年4月20日

© 2020 公益社団法人日本生化学会

^{註1} オペロンを構成している遺伝子の機能を欠損させる場合は、特に注意が必要である。たとえば、目的の遺伝子にナンセンスコドンを導入することで (ナンセンス変異, フレームシフト変異および、選択マーカー遺伝子の発現系を含む大きなDNA断片の挿入も含む)、翻訳を途中で終了させ遺伝子の機能を欠損させると、その下流の遺伝子の発現量の低下を伴ってしまうことが時にみられるからである [これを極性効果 (polar effect) と呼ぶ]¹⁰⁾。その場合、得られた遺伝子欠損株に表現型がみられても、目的の遺伝子だけに依存する表現型なのかは明確とならない。ナンセンスコドンによる遺伝子欠損を避ける方法は、注2,5を参照のこと。

^{註2} この他によく使われるのは、遺伝子全体をベクターに一度クローニングして、それを元に inverse 法を用いて ORF 領域の一部を欠損したベクターを作製する方法である。これによって、任意の領域を挿入せず、かつナンセンスコドンも作らずに遺伝子の欠損が可能となる (また、点変異も可能である)。

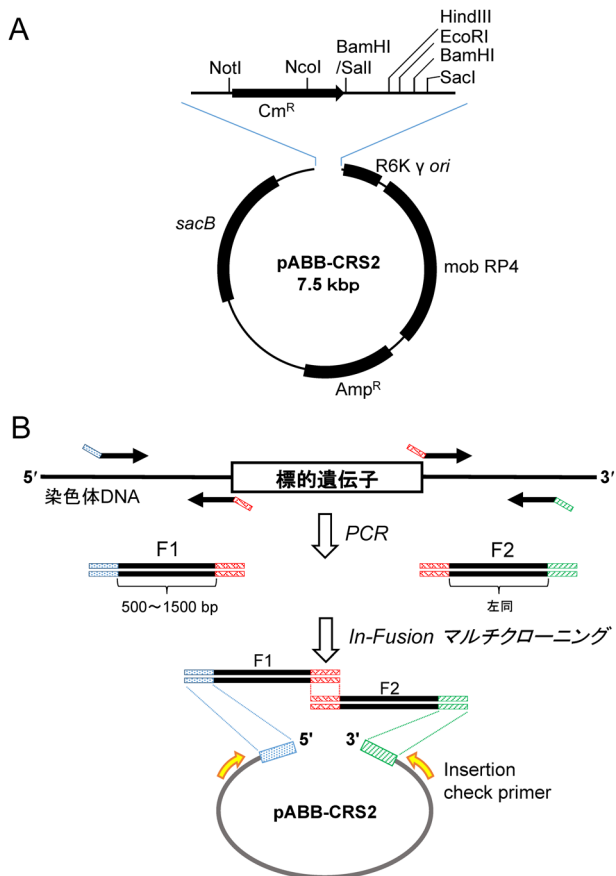


図1 ベクターの遺伝子地図とIn-Fusionクローニングの概略 (A) スーサイドベクター pABB-CRS2 とマルチクローニングサイト⁵⁾。(B) In-Fusion法による遺伝子欠損用DNA断片のマルチクローニングの概略。矢印はプライマーの結合する位置を示す(各色/模様の説明は、本文参照)。矢印(黄色/白抜き)は、断片の挿入確認のためのInsertion check primerの位置を示す(配列は、表2)。

目的の遺伝子の機能を欠損させるという最もシンプルな欠損方法を示す。まず欠損させたい遺伝子の前後の配列を、染色体DNAを鋳型にしてPCRで増幅する。その二つのDNA断片を、In-Fusion法を用いてpABB-CRS2にマルチクローニングする(図1)。このベクターは、R6Kプラスミド由来DNA複製起点を持っているので、*pir*遺伝子を持つ大腸菌SM10 λ *pir*株のような菌株でしか複製することができない(複製開始には、その起点領域に*pir*遺伝子から発現する π タンパク質の結合が必須なため)⁷⁾。さらに、接合伝達に必要なmob RP4領域、スクロース選択時に必要な*sacB*遺伝子そしてアンピシリン(Amp)耐性遺伝子を含んでいる(図1A)。クローニングされたpABB-CRS2をSM10 λ *pir*株に導入し、遺伝子を欠損させたい受容菌と混ぜて接合(conjugation)させる⁶⁾。このベクターはmob RP4領域を持つので、SM10 λ *pir*株由来の接合伝達システム(RP4)を介して受容菌に移動し、受容菌の染

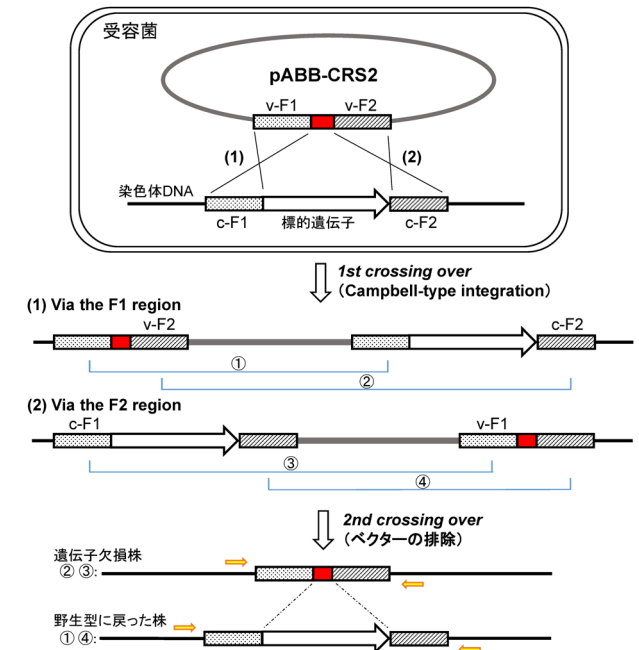


図2 スーサイドベクターを介して起こる二度の相同組換えの概略

mob RP4の接合伝達により、SM10 λ *pir*から受容菌に移動したベクターは、染色体の相同な配列と一度目の相同組換えを起こす(1st crossing over)。このとき、相同配列F1あるいはF2のどちらかを使って起きるので、得られた菌体には(1)と(2)の2種類が混在している。このベクターには、培養時にスクロースが存在していると生育に致命的な影響を及ぼす*sacB*遺伝子がコードされている(図1および本文参照)。したがって、スクロース存在下で培養することで、ベクターを排除する二度目の相同組換えが誘導される(2nd crossing over)。4種類の組換え(①~④で示した線の組み合わせ)の結果、「遺伝子欠損株」と「野生型に戻った株」の2種類が混在して得られる。c-とv-は、それぞれ染色体およびベクター由来であることを示す。矢印(黄色/白抜き)は、Deletion check primerの位置を示す。

染色体DNAと相同な配列(図2におけるF1あるいはF2)で一度目の相同組換え(Site-specific recombination, Campbell-type integration)を起こす(1st crossing over)⁸⁾。この段階では、染色体への組み込まれ方は二つのパターンが存在する(図2)。

実験では、このベクターにおける「*pir*遺伝子産物がないと染色体外では複製できない」そして「Amp耐性遺伝子を持つ」という特徴を利用して、Amp存在下のM9培地で培養することでベクターが染色体に組み込まれた受容菌株のみを選択する。次に、この菌株の染色体からベクター全体を除くため、5%スクロースを含むLB培地で培養する。ベクターにコードされているSacBタンパク質は、スクロース存在下でグラム陰性菌の生育に有害な物質を産生することで知られる[レバン(levan, 多糖)が大量に合成されペリプラズムに蓄積し、溶菌に至る]⁹⁾。よって、SacBが存在している菌はスクロース存在下では生育

表1 供与菌 (SM10 λ pir) および受容菌の培地による増殖能の比較

| 培地の種類 | SM10 λ pir | | 受容菌 | | |
|-----------------|--------------------|------|---------------------------|--------------------|--------------------|
| | vを含まない | vを含む | vを含まない (接合なし) (野生株) | ゲノムにvが 組み込まれた状態 | vが排出された状態 (欠損株) |
| LB (-Amp) | ○ | ○ | ○ | ○ | ○ |
| LB (+Amp) | × | ○ | × | ○ | × |
| M9 (+Amp) | × | × | × | ○ | × |
| LB (+Sc, -NaCl) | ○ | × | ○ | × | ○ |

○：増殖可，×：増殖不可，v：スーサイドベクター，Sc：スクロース。

できないので、二度目の相同組換えを起こし (2nd crossing over)、ベクターを排除した受容菌株のみが生育可能となる (図2)。このように、ベクターが細胞内に存在するとその細菌は生育できないので、スーサイド (suicide, 自滅) ベクターと呼ばれる。

ベクターの排除によって、結果として、目的の遺伝子が欠損した菌株と元の野生株に戻った菌株を得ることになる (図2)。この二つを区別するために、欠損する対象の領域を挟んでコロニー PCR をして、その産物の長さを比較することで欠損株を同定する。

3. 実験操作

示した日数は、大腸菌の遺伝子欠損に関して、最短で行えた場合の目安である。菌種や欠損する遺伝子によって増殖の速度が異なるので、コロニーの成長を注意して観察し培養時間を調整すべきである。表1に、株の種類、ベクター含有の有無および培地の種類との増殖能の関係をまとめた。この表を参考にしながら読むと、実験操作の「意味」の迅速な理解につながるであろう。また、「脚注」には、実際に実験する上でのコツも書かれているので、この点においても参考にいただきたい。

【1日目：遺伝子欠損用DNA断片の作製、クローニングおよびSM10 λ pir株への導入】

1) スーサイドベクター^{注3}に対し制限酵素処理およびアガロース電気泳動を行い、切断された線状化ベクターを精製しておく (今回はNotIおよびNcoIを使用した)。

2) PCRにより欠損させたい遺伝子の上流と下流に対応する二つのDNA断片F1およびF2をそれぞれ作製する。

^{注3} このベクターはコピー数が少ないので、SM10 λ pir株の場合、約200 mLで培養し、large preparationすることで精製する。あるいは、実験頻度が高くなり収率を上げたい場合、pirが挿入されていてかつコンピテントセルとして適している大腸菌株を、ナショナルバイオリソースプロジェクト (NBRP) や Thermo Fisher Scientific から購入するとよい。

表2 本実験で使用したユニバーサルプライマー

| In-Fusionのリンカー部分 | 配列 |
|------------------|------------------------|
| 5'末端NotI用配列(青) | 5'-GTCACATATGGCGGCC-3' |
| 3'末端NcoI用配列(緑) | 5'-TAATATTTGCCCATG-3' |

| Insertion check primer | 配列 |
|------------------------|-------------------------------|
| Forward | 5'-GATTTGCAGCATATCATGG-3' |
| Reverse | 5'-CAGTTCAACCTGTTGATAGTACG-3' |

F1およびF2の相同領域 (図1B, 黒) は、受容菌の相同組換えの効率により、500塩基対から1500塩基対程度と必要がある (F1とF2は同じ長さにする；大腸菌の場合、1000塩基対程度)。使用するプライマーには、ベクターの制限酵素処理後に生じた末端配列に相同な15塩基^{注4} (図1B, 青/ドット, 緑/斜線；表2, 配列) および、二つの断片をつなぎ合わせるための互いに相同な任意の配列の約20塩基^{注4,5} (図1B, 赤/モザイク) が付加されている。

3) DNA断片F1およびF2と精製済みの線状化ベクターを混ぜ、In-Fusion法によりマルチクローニングする^{注4}。その反応液を供与菌であるSM10 λ pir株に加え、通常のHeat shock法により形質転換し、LBプレート (+Amp) に播種する。表3に、各実験で使用される培地の組成および作製法をまとめた。

【2日目】

1) プレートに生えたコロニーに対し、Insertion check

^{注4} In-Fusion HD Cloning Kit (Takara) のプロトコルを参照のこと。もちろん、Gibson Assembly Cloning Kit (New England Biolabs) を使用しても問題ないが、プライマーの設計が異なる場合があるので、各々のプロトコルに従うこと。

^{注5} 20 (±3) 塩基対の配列は任意であるので、プライマー設計 (T_m) を考慮して配列を決めたり、制限酵素サイトを組み込んだりできる。さらに、開始コドンと終止コドンを入れて small ORF を構成し (インフレーム欠損)、極性効果を避ける工夫ができる。

テクニカルノート

表3 培地の組成および作製方法

| | [通常] | [+5%スクロース, -NaCl] |
|---|--------|---------------------------------|
| ・ LB培地 | | |
| Bactro tryptone | 10g | 10g |
| Bactro yeast extract | 5g | 5g |
| NaCl | 10g | — |
| 5N NaOH | 0.2 mL | 0.2 mL |
| スクロース | — | 5g |
| 純水 (RO水) | 1L | 1L →オートクレーブ滅菌 |
| アンピシリン入り (+Amp) にする場合は, 50°C付近まで冷えてから50mg/mL (1000×) のAmpを1mL加える. | | |
| ・ 10×M9 salt | | |
| Na ₂ HPO ₄ | 60g | |
| KH ₂ PO ₄ | 30g | |
| NH ₄ Cl | 10g | |
| NaCl | 5g | →純水 (RO水) で1Lにメスアップし, オートクレーブ滅菌 |
| ・ M9プレート (+Amp): 10枚分 | | |
| (a) 10×M9 salt | 20 mL | |
| 1 M MgSO ₄ | 200 μL | |
| (b) グルコース | 0.4g | |
| Agar | 3g | |
| 純水 (RO水) | 180 mL | |
| (a)および(b)の溶液を別々にオートクレーブ滅菌し, 50°C付近まで冷えてから混合する. 最後に50mg/mL (1000×) のAmpを200 μL加え, プレートに分注する. | | |

primer (図1B, 黄; 表2, 配列) を使ってコロニー PCR することで二つの断片がベクターにクローニングされているかを確認する.

2) 遺伝子欠損用のベクターの導入が確認された大腸菌 SM10 λ pir 株を5mLのLB液体培地 (+Amp) および, 遺伝子を欠損させたい菌 (今回は大腸菌常在株を使用, 以下, 受容菌と呼ぶ) を5mLのLB液体培地 (-Amp) で, それぞれ一晩, 振とう培養 (130~160rpm) する. 以下, 保温温度はすべて37°Cである.

【3日目: 1st crossing over】

1) SM10 λ pir 株と受容菌の培養液から200 μLを採取し, それぞれ別々の5mLのLB液体培地 (-Amp) に加え, 3h振とう培養する.

2) それぞれの培養液から200 μLを採取し, マイクロチューブに入れて混和し, 3h静置することで, 受容菌の染色体DNAに欠損用ベクターを接合伝達させる.

注6 デカンテーションのときチューブ内に残っている少量のLB培地は, ピペッターを使うなどして, できるだけ取り除くことがコツ.

注7 SM10 λ pir の遺伝子型: *thi, thr, leu, tonA, lacY, supE, recA::RP4-2-Tc::Mu, λ pir, oriT* of RP4; Km^R.

注8 2回目も「きれいな」コロニーが得られない場合, あるいはコロニーと判別しにくいほど小さい場合などは, それらのコロニーに対してシングルコロニーアイソレーションを行った方が確実である (特に初めて行う方は).

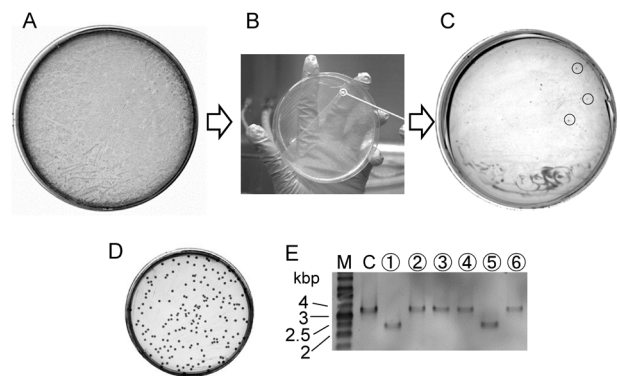


図3 1st crossing over後の実験結果

(A) 4日目のプレート. 分離したコロニーにはなっていない. (B) 4日目のプレートをディスポールですくい取る操作. 左上半分はディスポールですべてすくい取った後の状態. (C) すくい取った菌体を薄くのぼして培養した5日目のプレート. 下の方に見える流線状のものは, のぼしきれなかった菌体の塊を示す. 黒い○で囲んだものが次の実験で使えるコロニーの例を示す. (D) 7日目 (最終日) のプレート. (E) (D)のプレート上のコロニーに対して行ったコロニー PCRのアガロースゲル電気泳動の結果. この実験では, 1137bpからなる遺伝子を18bpにin-frame欠損することを目的としている. Deletion check primer (図2) を使い, 6コロニーに対してPCRを行った結果, ①と⑤の2コロニーが欠損株由来 (PCR産物2402bp) であることを示している. MはDNAラダーマーカー, C (コントロール) は受容菌の野生株 (3542bp) を使った結果をそれぞれ示す.

3) マイクロチューブを室温で5000rpm, 10min遠心し, 上清をデカンテーションで取り除く^{注6}.

4) ペレット状となった菌体を1mLの滅菌済み生理食塩水でよく懸濁し, 再度3)を繰り返す. その後, ペレット状の菌体を200~500 μ Lの滅菌済み生理食塩水で懸濁し, そのうち100 μ LをM9プレート(+Amp)に播種し, 一晚培養する. M9培地では, アミノ酸要求株であるSM10 λ pir株は増殖できないので^{注7}, 受容菌の染色体DNA内に欠損用ベクターが組み込まれた菌株のみがAmpで選択される.

【4日目】

プレートに厚く広がって生えてきた菌体(図3A)をディスポール(あるいは, 白金耳)ですべてかきとり(図3B), 新たなM9プレート(+Amp)の全体になるべく薄く塗りつけ, 再度, 一晚培養する.

Key point: 3日目のプレートのコロニー(らしきもの)を使って実験を進めても, 本来は増殖できない受容菌だったりSM10 λ pirだったりする可能性がとても高い(あるいはそれらの混合物). これは, LB培地の持ち込みだったり, 播種のとき菌体の密度が高いため菌体どうしの排出物を使ったりして, 本来増殖できない菌体が増殖してしまったと考えられる(つまり, negativeなコロニーが全体に生えてバックグラウンドが高くなり, 本来のpositiveなコロニーが採取できにくくなっている). そのため, 再度, 播種し直すことで, positiveなコロニーの選択性を高める.

【5日目(夜): 2nd crossing over】

コロニーの成長が遅いので, できるだけ培養時間をとる. しかし, 十分時間をかけても一定以上大きくならないので(小さいままなので), むだに時間をかけないように注意する. 採取可能なコロニーとなったら^{注8}(図3C), 2~3個コロニーをとって, それぞれ特別なLB液体培地(+5%スクロース, -NaCl)^{注9}で10~16h培養する.

この過程で, 培地にスクロースが存在するため, 染色体

^{注9} NaClを加えないLB培地で培養することで, *sucB*を使った選択性がより高まる(つまり, 菌体が死にやすい). また, ここでの選択性が弱い場合は, スクロースの濃度を10%にする.

^{注10} Amp感受性を最後に確認する理由は, スクロースの効きが弱かったり, あるいは何らかの理由で*sacB*遺伝子が機能しなくなったりして, ベクターが残ったまま増殖してしまう株がまれに存在してしまうからである. ここで特に問題となるのは, 一つのコロニーに, これらのような株とごくわずかだがベクターが排除された株が混在している場合である. たまたま後者の部分を爪楊枝で突いてしまったときのコロニーPCRの結果だけでは, 欠損株と判断してしまう可能性が十分にある(当研究室で実例あり). これを避けるためAmp感受性を確認する.

^{注11} 「当たり」の確率は, 欠損する遺伝子の機能に関連する. 必須遺伝子ならば, すべて野生型しかとれない. 野生型しかとれず失敗した場合(欠損株の作製が可能と判明している場合), 注8あるいは注9を試みる.

DNAからベクターを排除した(二度目の相同組換えを起こした)受容菌株のみ選択される.

【6日目】

培養液をLB液体培地(+5%スクロース, -NaCl)で, シングルコロニーになるように薄めた後($\sim 10^{-4}$)に, LBプレート(+5%スクロース, -NaCl)に播種し, 一晚培養する.

【7日目】

プレートに生えてきたコロニーに対し(図3D), コロニーPCRを行って目的の遺伝子が欠損しているかどうか確認する(Deletion check primerの位置を図2に示す). PCRの作業時に, 同時に, コロニーのレプリカをLBプレート(-Amp)およびLBプレート(+Amp)にそれぞれとる. 前者は, ストックのため, 後者は, Amp感受性があることを確かめることで, 確実にベクターが排除されていることを確認する^{注10}.

増殖能などに関係の少ない遺伝子の欠損ならば, 同一のプレート上の10個のコロニーに対してPCRを行えば, 欠損株由来のコロニーが2個前後確認できる(その他は野生株由来)^{注11}(図3E).

4. おわりに

もともと, 筆者らがこの遺伝子欠損株の作製法に行き着いたのは, 大腸菌の実験室株においてはP1 transduction法で目的の遺伝子の欠損株を作製できていたが, 大腸菌常在株ではこの方法では欠損ができなかったことから始まっている. おそらく, P1ファージが常在株に効率よく感染できなかったためと思われる. 今回紹介した作製方法は, 基本的にグラム陰性菌の種類を問わない点で, とてもパワフルな方法ともいえる. これまで, 特殊な菌体や株で遺伝子欠損ができなかったと考えていた方はいうまでもなく, 実験室株において手軽に欠損株を作製したい方にもお勧めしたい.

最後に, pABB-CRS2ベクターの提供と本稿の執筆を快く認めていただいた阿部章夫教授(北里大)に心から感謝致します.

文 献

- Ghatak, S., King, Z.A., Sastry, A., & Palsson, B.O. (2019) The y-ome defines the 35% of *Escherichia coli* genes that lack experimental evidence of function. *Nucleic Acids Res.*, **47**, 2446–2454.
- Miller, J.H. (1992) in A short course in bacterial genetics: a laboratory manual and handbook for *Escherichia coli* and related bacteria, pp. 263–305, Cold Spring Harbor Laboratory Press.
- Datsenko, K.A. & Wanner, B.L. (2000) One-step inactivation of chromosomal genes in *Escherichia coli* K-12 using PCR products. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, **97**, 6640–6645.

テクニカルノート

- 4) Li, Y. & Peng, N. (2019) Endogenous CRISPR-Cas system-based genome editing and antimicrobials: review and prospects. *Front. Microbiol.*, **10**, 2471.
- 5) Sekiya, K., Ohishi, M., Ogino, T., Tamano, K., Sasakawa, C., & Abe, A. (2001) Supermolecular structure of the enteropathogenic *Escherichia coli* type III secretion system and its direct interaction with the EspA-sheath-like structure. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, **98**, 11638–11643.
- 6) Simon, R., Prierer, U., & Puhler, A. (1983) A broad host range mobilization system for *in vivo* genetic engineering: transposon mutagenesis in gram negative bacteria. *Nat. Biotechnol.*, **1**, 784–791.
- 7) Miller, V.L. & Mekalanos, J.J. (1988) A novel suicide vector and its use in construction of insertion mutations: osmoregulation of outer membrane proteins and virulence determinants in *Vibrio cholerae* requires *toxR*. *J. Bacteriol.*, **170**, 2575–2583.
- 8) Nash, H.A. (1996) in *Escherichia coli* and *Salmonella*: cellular and molecular biology (Neighardt, F.C. ed.), 2nd ed., Vol. 2, pp. 2363–2376, ASM Press.
- 9) Gay, P., Le Coq, D., Steinmetz, M., Berkelman, T., & Kado, C.I. (1985) Positive selection procedure for entrapment of insertion sequence elements in gram-negative bacteria. *J. Bacteriol.*, **164**, 918–921.
- 10) Wek, R.C., Sameshima, J.H., & Hatfield, G.W. (1987) Rho-dependent transcriptional polarity in the *ilvGMEDA* operon of wild-type *Escherichia coli* K12. *J. Biol. Chem.*, **262**, 15256–15261.

著者寸描

●矢島 美帆乃 (やじま みほの)

群馬大学大学院理工学府物質・生命理工学教育プログラム博士前期課程在学。

●金村 涼平 (かねむら りょうへい)

群馬大学大学院理工学府物質・生命理工学領域博士後期課程在学。

●小椋 義俊 (おぐら よしとし)

久留米大学医学部感染医学講座基礎感染医学部門主任教授。博士 (バイオサイエンス)。

■略歴 2002年奈良先端科学技術大学院大学博士後期課程修了。02～03年日本学術振興会プロジェクト研究員。03～16年宮崎大学フロンティア科学実験総合センター助教 (同大医学部微生物学分野助教兼任)。16～20年九州大学大学院医学研究院細菌学分野准教授。20年より現職。

■研究テーマと抱負 ゲノム解析による細菌の病原性進化機構の解明。

●行木 信一 (なめき のぶかず)

群馬大学大学院理工学府分子科学部門准教授。博士 (理学)。

■略歴 1990年東京大学理学部物理学科卒業。96年同大学大学院理学系研究科博士課程修了。同年日本学術振興会特別研究員 (弘前大)。98年東京工業大学大学院助手。2000年日本学術振興会研究員 (未来開拓) (千葉工大)。02年理化学研究所 (横浜) ゲノム科学総合研究センター研究員。05年より現職。

■研究テーマと抱負 誰も手つかずの機能未知タンパク質の機能を一つでも多く解明したい。

■ウェブサイト <https://molbio.chem-bio.st.gunma-u.ac.jp/>