

1990年12月18日 第4種郵便物認可

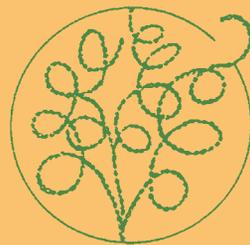
ISSN 0914-5818

ACTINOMYCETOLOGIA

2025

VOL. 39 NO. 1

日本放線菌学会誌
(公開用)



<https://www.actino.jp/>

Published by

The Society for Actinomycetes Japan

SAJ NEWS

Vol. 39, No. 1, 2025

Contents

- Outline of SAJ: Activities and membership S2
- List of new scientific names and nomenclatural changes in the phylum
Actinomycetota validly published in 2024 S4
- Hamada Award Lecture by Dr. Fumihito HASEBE S34
- The 2025 annual meeting of the Society for Actinomycetes Japan S44
- Please access to 'My Page'! S47
- Online access to The Journal of Antibiotics for SAJ members S49

Outline of SAJ: Activities and Membership

The Society for Actinomycetes Japan (SAJ) was established in 1955 and authorized as a scientific organization by Science Council of Japan in 1985. The Society for Applied Genetics of Actinomycetes, which was established in 1972, merged in SAJ in 1990. SAJ aims at promoting actinomycete researches as well as social and scientific exchanges between members domestically and internationally.

The Activities of SAJ have included annual and regular scientific meetings, workshops and publications of The Journal of Antibiotics (the official journal, joint publication with Japan Antibiotics Research Association), Actinomycetologica (Newsletter) and laboratory manuals. Contributions to International Streptomyces Project (ISP) and International Symposium on Biology of Actinomycetes (ISBA) have also been SAJ's activities. In addition, SAJ have occasional special projects such as the publication of books related to actinomycetes: "Atlas of Actinomycetes, 1997", "Identification Manual of Actinomycetes, 2001" and "Digital Atlas of Actinomycetes, 2002" (<http://atlas.actino.jp/>). These activities have been planned and organized by the board of directors with association of executive committees consisting of active members who belong to academic and nonacademic organizations.

The SAJ Memberships comprise active members, student members, supporting members and honorary members. Currently (as of May, 2025), SAJ has 269 active members including 36 oversea members, 7 honorary members, 1 oversea honorary member, and 12 supporting members. The SAJ members are allowed to join the scientific and social meetings or projects (regular and specific) of SAJ on a membership basis and to browse The Journal of Antibiotics from a link on the SAJ website and will receive each issue of Actinomycetologica, currently published in June and December. Actinomycete researchers in foreign countries are welcome to join SAJ. For application of SAJ membership, please contact the SAJ secretariat (see below). Annual membership fees are currently 5,000 yen for active members, 3,000 yen for student members and 20,000 yen or more for supporting members (mainly companies), provided that the fees may be changed without advance announcement.

The current members (April 2024 - March 2026) of the Board of Directors are: Kenji UEDA (Chairperson; Nihon Univ.), Kenji ARAKAWA (Vice Chairperson; Hiroshima Univ.), Hideki YAMAMURA (Secretary General; Univ. of Yamanashi), Moriyuki HAMADA (NITE), Makoto HASHIMOTO (Musashino Univ.), Yohei IIZAKA (Toho Univ.), Yoshimasa ISHIZAKI (BIKAKEN), Shinya KODANI (Shizuoka Univ.), Ikuko KOZONE (N2PC), Takuto KUMANO (Tsukuba Univ.), Takuji NAKASHIMA (Waseda Univ.), Shinya NISHIWAKI (Taiho Pharmaceutical Co., Ltd.), Miyuki OTSUKA (Tamagawa Univ.), Natsumi SAITO (NIT, Tsuruoka) and Yoshikazu Fujii (MicroBiopharm Japan Co., Ltd.).

Copyright:

The copyright of the articles published in Actinomycetologica is transferred from the authors to the publisher, The Society for Actinomycetes Japan, upon acceptance of the manuscript.

The SAJ Secretariat

c/o Institute of Microbial Chemistry, 3-14-23 Kamiosaki, Shinagawa, Tokyo 141-0021, JAPAN

E-mail: info@actino.jp

**List of new scientific names and nomenclatural changes in the phylum
Actinomycetota validly published in 2024**

ABBREVIATIONS

IJSEM, *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*

LCTO, List of Changes in Taxonomic Opinion

VL, Validation List

Ref, Reference

References of 'List of changes in taxonomic opinion (LCTO)' and 'Validation List (VL)' are shown on the below.

LCTO39, LCTO no. 39 [*IJSEM*, 2024, **74**: 6145]

LCTO40, LCTO no. 40 [*IJSEM*, 2024, **74**: 6482]

VL215, VL no. 215 [*IJSEM*, 2024, **74**: 6173]

VL216, VL no. 216 [*IJSEM*, 2024, **74**: 6229]

VL217, VL no. 217 [*IJSEM*, 2024, **74**: 6275]

VL218, VL no. 218 [*IJSEM*, 2024, **74**: 6398]

VL219, VL no. 219 [*IJSEM*, 2024, **74**: 6452]

VL220, VL no. 220 [*IJSEM*, 2024, **74**: 6501]

NEW SUBORDER

Mycobacteriineae Val-Calvo and Vázquez-Boland 2024, subord. nov.

Type genus: *Mycobacterium* Lehmann and Neumann 1896 (Approved Lists 1980)

Ref: *mBio* 2023; 14:e0220723, VL216

A member of the order *Mycobacteriales* Janke 1924 (Approved Lists 1980).

NEW FAMILY

Kribbibacteriaceae Bai *et al.* 2024, fam. nov.

Type genus: *Kribbibacterium* Bai *et al.* 2024

Ref: *IJSEM* 2024; 74:6382

A member of the order *Coriobacteriales* Stackebrandt *et al.* 1997

Quadrisphaeraceae Chuvochina *et al.* 2024, fam. nov.

Type genus: *Quadrisphaera* Maszenan *et al.* 2005

Ref: *FEMS Microbiol Lett* 2023; 370:fnad071, VL215

A member of the order *Kineosporiales* Kämpfer 2015

Speluncibacteraceae Lee *et al.* 2024, fam. nov.

Type genus: *Speluncibacter* Lee *et al.* 2024

Ref: *IJSEM* 2024; 74:6267

A member of the order *Mycobacteriales* Janke 1924 (Approved Lists 1980)

NEW GENUS

Amorphoplanes Roman *et al.* 2024, gen. nov.

Type species: *Amorphoplanes auranticolor* (Couch 1963) Roman *et al.* 2024

Ref: *IJSEM* 2024; 74:6464

A member of the family *Micromonosporaceae* Krassilnikov 1938 (Approved Lists 1980)

Halostreptopolyspora Li *et al.* 2024, gen. nov.

Type species: *Halostreptopolyspora alba* Li *et al.* 2024

Ref: *IJSEM* 2024; 74:6484

A member of the family *Nocardiopsidaceae* Rainey *et al.* 1996

Paractinoplanes Roman *et al.* 2024, gen. nov.

Type species: *Paractinoplanes brasiliensis* (Thiemann *et al.* 1969) Roman *et al.* 2024

Ref: *IJSEM* 2024; 74:6464

A member of the family *Microbacteriaceae* Park *et al.* 1995

Paramicrobacterium Lee *et al.* 2024, gen. nov.

Type species: *Paramicrobacterium agarici* (Young *et al.* 2010) Lee *et al.* 2024

Ref: *Front Microbiol* 2023; 14:1299950, VL217

A member of the family *Micromonosporaceae* Krassilnikov 1938 (Approved Lists 1980)

Rhodococcoides Val-Calvo and Vázquez-Boland 2024, gen. nov.

Type species: *Rhodococcoides fascians* (Tilford 1936) Val-Calvo and Vázquez-Boland 2024

Ref: *mBio* 2023; 14:e0220723, VL216

A member of the family *Nocardiaceae* Castellani and Chalmers 1919 (Approved Lists 1980)

Ruicaihuangia Liu *et al.* 2024, gen. nov.

Type species: *Ruicaihuangia caeni* Liu *et al.* 2024

Ref: *IJSEM* 2024; 74:6302

A member of the family *Microbacteriaceae* Park *et al.* 1995

Speluncibacter Lee *et al.* 2024, gen. nov.

Type species: *Speluncibacter jeojiensis* Lee *et al.* 2024

Ref: *IJSEM* 2024; 74:6267

A member of the family *Speluncibacteraceae* Lee *et al.* 2024

Svornostia Kapinusova *et al.* 2024, gen. nov.

Type species: *Svornostia abyssi* Kapinusova *et al.* 2024

Ref: *IJSEM* 2024; 74:62432

A member of the family *Baekduiaceae* An *et al.* 2019

Symbioplanes Roman *et al.* 2024, gen. nov.

Type species: *Symbioplanes lichenis* (Phongsopitanun *et al.* 2016) Roman *et al.* 2024

Ref: *IJSEM* 2024; 74:6464

A member of the family *Micromonosporaceae* Krassilnikov 1938 (Approved Lists 1980)

Winogradskya Roman *et al.* 2024, gen. nov.

Type species: *Winogradskya consettensis* (Goodfellow *et al.* 1990) Roman *et al.* 2024

Ref: *IJSEM* 2024; 74:6464

A member of the family *Micromonosporaceae* Krassilnikov 1938 (Approved Lists 1980)

NEW SPECIES

Actinacidiphila polyblastidii Somphong *et al.* 2024, sp. nov.

Type strain: NBRC 115865; TBRC 16209; V4-01

Ref: *IJSEM* 2024; 74:6598

Actinomadura monticuli Lee *et al.* 2024, sp. nov.

Type strain: DLS-62; DSM 116424; KACC 23345

Ref: *IJSEM* 2024; 74:6609

Actinomyces acetigenes Tian *et al.* 2024, sp. nov.

Type strain: ATCC 49340; CCUG 34286; CCUG 35339; VPI D163E-3

Ref: *BMC Genomics* 2023; 24:734, VL217

Actinomyces stomatis Tian *et al.* 2024, sp. nov.

Type strain: ATCC 51655; CCUG 33930; PK606

Ref: *BMC Genomics* 2023; 24:734, VL217

Actinomycetospora aeridis Suriyachadkun *et al.* 2024, sp. nov.

Type strain: NBRC 116543; OC33-EN06; TBRC 18349

Ref: *IJSEM* 2024; 74:6505

Actinomycetospora aurantiaca Suriyachadkun *et al.* 2024, sp. nov.

Type strain: NBRC 116542; OC33-EN08; TBRC 18318

Ref: *IJSEM* 2024; 74:6505

Actinomycetospora flava Suriyachadkun *et al.* 2024, sp. nov.

Type strain: NBRC 116544; OC33-EN07; TBRC 18350

Ref: *IJSEM* 2024; 74:6505

Actinomycetospora lemnae Saimee *et al.* 2024, sp. nov.

Type strain: DW7H6; NBRC 115294; TBRC 15165

Ref: *Curr Microbiol* 2024; 81:92, VL218

Actinoplanes aureus Song *et al.* 2024, sp. nov.

Type strain: CCTCC AA 2019063; JCM 33971; NEAU A11

Ref: *Antonie Van Leeuwenhoek* 2021; 114:1517-1527, VL216

Actinoplanes oblitus Yushchuk *et al.* 2024, sp. nov.

Type strain: SM 116196; NRRL 3884

Ref: *IJSEM* 2024; 74:6271

Actinoplanes pyxinae Somphong *et al.* 2024, sp. nov.

Type strain: CGMCC 4.7854; DSM 101017; M4I6

Ref: *IJSEM* 2024; 74:6215

Actinotalea lenta Lu *et al.* 2024, sp. nov.

Type strain: GDMCC 1.3827; KCTC 49943; SYSU T00b441

Ref: *IJSEM* 2024; 74:6436

Adlercreutzia shanghongiae Liu *et al.* 2024, sp. nov.

Type strain: GDMCC 1.4458; KCTC 25861; R25

Ref: *IJSEM* 2024; 74:6531

Adlercreutzia wanghongyangiae Liu *et al.* 2024, sp. nov.

Type strain: GDMCC 1.4459; KCTC 25860; R7

Ref: *IJSEM* 2024; 74:6531

Agromyces chromiiresistens Liu *et al.* 2024, sp. nov.

Type strain: CGMCC 1.61332; H3Y2-19a; JCM 36199

Ref: *Front Microbiol* 2023; 14:1289110, VL219

Amycolatopsis carbonis Oyuntsetseg and Kim 2024, sp. nov.

Type strain: 2-15; JCM 30563; KCTC 39525

Ref: *IJSEM* 2024; 74:6511

Amycolatopsis cynarae Deng *et al.* 2024, sp. nov.

Type strain: HUAS 11-8; JCM 35980; MCCC 1K08337

Ref: *Front Microbiol* 2024; 15:1359021, VL219

Amycolatopsis heterodermiae Somphong *et al.* 2024, sp. nov.

Type strain: NBRC 115837; TBRC 16208; V23-08

Ref: *IJSEM* 2024; 74:6598

Amycolatopsis melonis Xu *et al.* 2024, sp. nov.

Type strain: JCM 35654; MCCC 1K08677; NEAU NG30

Ref: *IJSEM* 2024; 74:6559

Amycolatopsis mongoliensis Oyuntsetseg *et al.* 2024, sp. nov.

Type strain: 4-36; JCM 30565; KCTC 39526

Ref: *IJSEM* 2024; 74:6266

Amycolatopsis nalaikhensis Oyuntsetseg and Kim 2024, sp. nov.

Type strain: 2-2; JCM 30462; KCTC 29695

Ref: *IJSEM* 2024; 74:6511

Amycolatopsis solani Wannawong *et al.* 2024, sp. nov.

Type strain: JCM 36309; MEP2-6; NBRC 116395; TBRC 17632

Ref: *Front Plant Sci* 2024; 15:1346574, VL218

Arthrobacter burdickii Simpson *et al.* 2024, sp. nov.

Type strain: DSM 115933; IIF3SC-B10; NRRL B-65660

Ref: *Sci Rep* 2023; 13:19207, VL216

Arthrobacter horti Park and Kim 2024, sp. nov.

Type strain: JCM 36483; KACC 23300; YJM1

Ref: *IJSEM* 2024; 74:6459

Bifidobacterium apicola Wang *et al.* 2024, sp. nov.

Type strain: CCTCC AB 2024129; F806-1; JCM 37002

Ref: *IJSEM* 2024; 74:6599

Bifidobacterium aquikefiricola Breselge *et al.* 2024, sp. nov.

Type strain: DSM 116074; LMG 33105; WK041_4_12

Ref: *IJSEM* 2024; 74:6549

Bifidobacterium apis Jiang *et al.* 2024, sp. nov.

Type strain: CCTCC AB 2023227; F753-1; JCM 36562; LMG 33388

Ref: *IJSEM* 2024; 74:6358

Bifidobacterium favimelis Li *et al.* 2024, sp. nov.

Type strain: GDMCC 1.4189; IMAU50987; JCM 36315

Ref: *IJSEM* 2024; 74:6573

Bifidobacterium fermentum Breselge *et al.* 2024, sp. nov.

Type strain: DSM 116073; LMG 33104; WK012_4_13

Ref: *IJSEM* 2024; 74:6549

Blastococcus brunescens Hezbri *et al.* 2024, sp. nov.

Type strain: BMG 8361; CECT 8880; DSM 46845

Ref: *IJSEM* 2024; 74:6317

Blastococcus montanus Wang *et al.* 2024, sp. nov.

Type strain: GDMCC 1.4386; HT6-4; KCTC 59234

Ref: *IJSEM* 2024; 74:6546

Brachybacterium sillae Ganbat *et al.* 2024, sp. nov.

Type strain: EF45031; KCTC 49702; NBRC 115869

Ref: *Antonie Van Leeuwenhoek* 2023; 116:791-799, VL215

Brevibacterium metallidurans Manzoor *et al.* 2024, sp. nov.

Type strain: CGMCC 1.62055; JCM 18882; NCCP 602

Ref: *Antonie Van Leeuwenhoek* 2024; 117:111, VL220

Brooklawnia propionicigenes Akita *et al.* 2024, sp. nov.

Type strain: DSM 116141; NBRC 116195; SH051

Ref: *IJSEM* 2024; 74:6320

Cellulomonas alba Park *et al.* 2024, sp. nov.

Type strain: KACC 23260; MW4; TBRC 17645

Ref: *IJSEM* 2024; 74:6235

Cellulomonas edaphi Park *et al.* 2024, sp. nov.

Type strain: KACC 23261; MW9; TBRC 17646

Ref: *IJSEM* 2024; 74:6235

Cellulomonas endometrii Abou Chacra *et al.* 2024, sp. nov.

Type strain: CECT 30716; CSUR Q7820; Marseille Q7820

Ref: *Arch Microbiol* 2023; 205:377, VL219

Collinsella acetigenes Han *et al.* 2024, sp. nov.

Type strain: CCUG 73987; KCTC 15847; KGMB02528

Ref: *Curr Microbiol* 2021; 78:3667-3673, VL218

Collinsella ureilytica corrig. Oh *et al.* 2024, sp. nov.

Type strain: AGMB00827; GDMCC 1.2724; KCTC 25287

Ref: *Arch Microbiol* 2023; 205:156, VL217

Corynebacterium ihumii Padmanabhan *et al.* 2024, sp. nov.

Type strain: CSUR P902; DSM 45751; GD7

Ref: *Stand Genomic Sci* 2014; 9:1128-1143, VL219

Corynebacterium mendelii Koublova *et al.* 2024, sp. nov.

Type strain: CCM 8862; LMG 31627; P5891

Ref: *IJSEM* 2024; 74:6271

Corynebacterium ramonii Crestani *et al.* 2024, sp. nov.

Type strain: CCUG 76912; CIP 112226; FRC0011

Ref: *Res Microbiol* 2023; 174:104113, VL216

Demequina lignilytica Gao *et al.* 2024, sp. nov.

Type strain: GDMCC 1.3838; KCTC 49954; SYSU T00068

Ref: *Front Mar Sci* 2023; 10:1244849, VL218

Demequina litoralis Gao *et al.* 2024, sp. nov.

Type strain: GDMCC 1.3840; KCTC 49956; SYSU T00192

Ref: *Front Mar Sci* 2023; 10:1244849, VL218

Demequina muriae Gao *et al.* 2024, sp. nov.

Type strain: EGI L300058; GDMCC 1.3270; KCTC 59052

Ref: *Front Mar Sci* 2023; 10:1244849, VL218

Demequina zhanjiangensis Gao *et al.* 2024, sp. nov.

Type strain: GDMCC 1.3841; KCTC 49950; SYSU T00b26

Ref: *Front Mar Sci* 2023; 10:1244849, VL218

Geodermatophilus maliterrae Ben Tekaya *et al.* 2024, sp. nov.

Type strain: ATCC TSD-376; DSM 116197; NCCB 100957; NCIMB 15483; WL48A

Ref: *IJSEM* 2024; 74:6603

Glycomyces luteolus Duan *et al.* 2024, sp. nov.

Type strain: CGMCC 4.7394; DSM 104643; NEAU A15

Ref: *Antonie Van Leeuwenhoek* 2019; 112:703-710, VL216

Glycomyces niveus Yang *et al.* 2024, sp. nov.

Type strain: CGMCC 4.7890; JCM 33975; NEAU S30

Ref: *IJSEM* 2024; 74:6265

Glycomyces tritici Li *et al.* 2024, sp. nov.

Type strain: CGMCC 4.7410; DSM 104644; NEAU C2

Ref: *Antonie Van Leeuwenhoek* 2018; 111:1087-1093, VL216

Gordonia prachuapensis Suphannarot *et al.* 2024, sp. nov.

Type strain: NBRC 116256; PKS22-38; TBRC 17540

Ref: *IJSEM* 2024; 74:6401

Gordonia sesuvii Suphannarot *et al.* 2024, sp. nov.

Type strain: LSe1-13; NBRC 116396; TBRC 17706

Ref: *IJSEM* 2024; 74:6401

Gordonibacter faecis Kim *et al.* 2024, sp. nov.

Type strain: KCTC 25343; KGMB12511; NBRC 116190

Ref: *Arch Microbiol* 2024; 206:108, VL218

Halostreptopolyspora alba Li *et al.* 2024, sp. nov.

Type strain: GMCC 4.7636; KCTC 49266; YIM 96095

Ref: *IJSEM* 2024; 74:6484

Herbiconiux daphnes corrig. Deng *et al.* 2024, sp. nov.

Type strain: CPCC 203368; CPCC 203386; DSM 24546; I10A-01569; KCTC 19839

Ref: *Front Microbiol* 2023; 14:1119226, VL215

Herbiconiux oxytropis Deng *et al.* 2024, sp. nov.

Type strain: 110 A-02268; CPCC 203406; DSM 24549; I10A-02268; KCTC 19840

Ref: *Front Microbiol* 2023; 14:1119226, VL215

Herbidospora solisilvae Yu *et al.* 2024, sp. nov.

Type strain: CCTCC AA 2018041; JCM 33460; NEAU GS84

Ref: *Antonie Van Leeuwenhoek* 2021; 114:581-590, VL217

Isoptericola croceus Ou Yang *et al.* 2024, sp. nov.

Type strain: GDMCC 1.2923; KCTC 49759; q2

Ref: *Antonie Van Leeuwenhoek* 2023; 116:845-853, VL216

Isoptericola luteus Bing *et al.* 2024, sp. nov.

Type strain: CCTCC AA 2019087; DSM 110637; NEAU Y5

Ref: *IJSEM* 2024; 74:6324

Janibacter alittae Kim *et al.* 2024, sp. nov.

Type strain: A1S7; JCM 36706; KCTC 49714

Ref: *IJSEM* 2024; 74:6557

Jatrophihabitans cynanchi Suh *et al.* 2024, sp. nov.

Type strain: KCTC 49134; NBRC 114108; SB3-54

Ref: *Antonie Van Leeuwenhoek* 2024; 117:19, VL218

Kitasatospora cathayae Zheng *et al.* 2024, sp. nov.

Type strain: HUAS 3-15; JCM 36274; MCCC 1K08542

Ref: *IJSEM* 2024; 74:6406

Klenkia sesuvii Chantavorakit *et al.* 2024, sp. nov.

Type strain: LSe6-5; NBRC 115929; TBRC 16417

Ref: *IJSEM* 2024; 74:6410

Kribbibacterium absianum Bai *et al.* 2024, sp. nov.

Type strain: KCTC 25709; NBRC 116430; YH-ols2217

Ref: *IJSEM* 2024; 74:6382

Leifsonia virtsii Simpson *et al.* 2024, sp. nov.

Type strain: DSM 115931; F6_8S_P_1A; NRRL B-65661

Ref: *Sci Rep* 2023; 13:19207, VL216

Leifsonia williamsii Simpson *et al.* 2024, sp. nov.

Type strain: DSM 115932; F6_8S_P_1B; NRRL B-65662

Ref: *Sci Rep* 2023; 13:19207, VL216

Lentzea kristufekii Lara *et al.* 2024, sp. nov.

Type strain: BCCO 100798; DSM 116176

Ref: *IJSEM* 2024; 74:6335

Lentzea miocenica Lara *et al.* 2024, sp. nov.

Type strain: BCCO 100856; DSM 116177

Ref: *IJSEM* 2024; 74:6335

Lentzea sokolovensisa Lara *et al.* 2024, sp. nov.

Type strain: BCCO 100061; DSM 116175

Ref: *IJSEM* 2024; 74:6335

Leucobacter edaphi Zheng *et al.* 2024, sp. nov.

Type strain: CGMCC 1.18747; C SA-2; JCM 34360

Ref: *Antonie Van Leeuwenhoek* 2023; 116:1433-1445, VL217

Luteipulveratus flavus Xiong *et al.* 2024, sp. nov.

Type strain: CGMCC 1.61357; KCTC 49824; YIM 133132

Ref: *IJSEM* 2024; 74:6518

Microbispora maris Xie *et al.* 2024, sp. nov.

Type strain: CCTCC AA 2023030; JCM 36778; ZYX-F-249

Ref: *IJSEM* 2024; 74:6568

Microbacterium abyssi Ding *et al.* 2024, sp. nov.

Type strain: A18JL241; JCM 33956; MCCC 1A16622

Ref: *IJSEM* 2024; 74:6299

Microbacterium aquilitoris Lee *et al.* 2024, sp. nov.

Type strain: KCTC 49623; KSW-18; NBRC 115222

Ref: *Arch Microbiol* 2024; 206:100, VL220

Microbacterium aurugineum Lee *et al.* 2024, sp. nov.

Type strain: DSM 112583; KACC 22272; KSW4-10

Ref: *Front Microbiol* 2023; 14:1299950, VL217

Microbacterium algihabitans Lee *et al.* 2024, sp. nov.

Type strain: DSM 116381; KACC 23322; KSW2-21

Ref: *IJSEM* 2024; 74:6443

Microbacterium croceum Lee *et al.* 2024, sp. nov.

Type strain: DSM 112581; KACC 22275; SSW1-49

Ref: *Front Microbiol* 2023; 14:1299950, VL217

Microbacterium dauci Zheng *et al.* 2024, sp. nov.

Type strain: CCTCC AB 2023103; LMG 33159; LX3-4

Ref: *Arch Microbiol* 2024; 206:102, VL219

Microbacterium galbinum Lee *et al.* 2024, sp. nov.

Type strain: DSM 112584; KACC 22276; KSW2-24

Ref: *Front Microbiol* 2023; 14:1299950, VL217

Microbacterium galbum Lee *et al.* 2024, sp. nov.

Type strain: DSM 116383; KACC 23323; KSW4-17

Ref: *IJSEM* 2024; 74:6443

Microbacterium helvum Li *et al.* 2024, sp. nov.

Type strain: CCTCC AA 2018026; JCM 32661; NEAU-LLC

Ref: *Arch Microbiol* 2021; 203:3287-3294, VL216

Microbacterium horticulturae Choi *et al.* 2024, sp. nov.

Type strain: CJN36-1N; KACC 23027; NBRC 116065

Ref: *IJSEM* 2024; 74:6384

Microbacterium limosum Ding *et al.* 2024, sp. nov.

Type strain: JCM 33960; MCCC 1A16747; Y20

Ref: *IJSEM* 2024; 74:6299

Microbacterium memoriense Santos *et al.* 2024, sp. nov.

Type strain: CECT 30366; LMG 32350; PMIC_1C1B

Ref: *IJSEM* 2024; 74:6271

Microbacterium phycohabitans Lee *et al.* 2024, sp. nov.

Type strain: KACC 22350; KSW2-29; NBRC 115221

Ref: *IJSEM* 2024; 74:6443

Microbacterium salsuginis Su *et al.* 2024, sp. nov.

Type strain: CFH 90308; DSM 105964; KCTC 49052

Ref: *IJSEM* 2024; 74:6362

Microbacterium sufflavum Lee *et al.* 2024, sp. nov.

Type strain: DSM 112582; KACC 22279; SSW1-47

Ref: *Front Microbiol* 2023; 14:1299950, VL217

Micrococcus lacusdianchii Wang *et al.* 2024, sp. nov.

Type strain: CGMCC 1.17508; JXJ CY 30; KCTC 49378

Ref: *J Antibiot (Tokyo)* 2024; 77:163-169, VL218

Micromonospora cathayae Long *et al.* 2024, sp. nov.

Type strain: HUAS 3; JCM 36275; MCCC 1K08599

Ref: *IJSEM* 2024; 74:6332

Micromonospora robiginosa Back *et al.* 2024, sp. nov.

Type strain: 28ISP2-46; DSM 111791; NCIMB 15402

Ref: *Mar Drugs* 2023; 21:214, VL219

Micromonospora rubida Sun *et al.* 2024, sp. nov.

Type strain: CGMCC 4.7479; JCM 32386; NEAU HG1

Ref: *Antonie Van Leeuwenhoek* 2021; 114:697-708, VL216

Myceligenersans pegani Li *et al.* 2024

Type strain: CCTCC AA 2019057; LMG 31679; TRM 65318

Ref: *IJSEM* 2024; 74:6179

Mycobacterium barrassiae Adékambi *et al.* 2024, sp. nov.

Type strain: CUG 50398; CIP 108545; N7

Ref: *J Clin Microbiol* 2006; 44:3493-3498, VL220

Mycobacterium salfingeri Musser *et al.* 2024, sp. nov.

Type strain: 20-157661; BCCM/ITM 501207; DSM 113368; ITM 501207

Ref: *Front Microbiol* 2022; 13:992610, VL217

Mycolicibacterium acapulense Gupta *et al.* 2024, sp. nov.

Type strain: AC-103; ATCC 14473; CECT 3026; JCM 6402

Ref: *Front Microbiol* 2018; 9:67, VL220

Mycolicibacterium arseniciresistens Zhu *et al.* 2024, sp. nov.

Type strain: CGMCC 1.19494; JCM 35915; KC 300

Ref: *IJSEM* 2024; 74:6221

Mycolicibacterium cyprinidarum Matsumoto *et al.* 2024, sp. nov.

Type strain: ATCC TSD-289; JCM 35117; NGTWS1803

Ref: *IJSEM* 2024; 74:6404

Nesterenkonia aerolata Song *et al.* 2024, sp. nov.

Type strain: GDMCC 1.3945; JCM 36375; LY 111

Ref: *Antonie Van Leeuwenhoek* 2024; 117:8, VL217

Nocardia implantans Liang *et al.* 2024, sp. nov.

Type strain: CDC 186; GDMCC 4.206; JCM 34959

Ref: *IJSEM* 2024; 74:6422

Nocardioides agri Huq *et al.* 2024, sp. nov.

Type strain: CGMCC 1.13656; KACC 19744; MAH 18

Ref: *IJSEM* 2024; 74:6407

Nocardioides bizhenqiangii Zhou *et al.* 2024, sp. nov.

Type strain: GDMCC 4.343; HM61; JCM 36399

Ref: *IJSEM* 2024; 74:6437

Nocardioides renjunii Zhou *et al.* 2024, sp. nov.

Type strain: CGMCC 4.7664; JCM 33792; S-34

Ref: *IJSEM* 2024; 74:6437

Nocardioides turkmenicus Saygin *et al.* 2024, sp. nov.

Type strain: CGMCC 4.7619; CGMCC T 4.7619; JCM 33525; KC13

Ref: *Antonie Van Leeuwenhoek* 2024; 117:25, VL219

Nocardiopsis akebiae Mo *et al.* 2024, sp. nov.

Type strain: HDS12; JCM 34708; MCCC 1K06173

Ref: *Arch Microbiol* 2022; 204:643, VL216

Nocardiopsis changdeensis Mo *et al.* 2024, sp. nov.

Type strain: JCM 34709; MCCC 1K06174; Mg02

Ref: *J Antibiot (Tokyo)* 2023; 76:191-197, VL216

Nocardiopsis codii Girão *et al.* 2024, sp. nov.

Type strain: CT-R113; LMG 33234; UCCCB 172

Ref: *IJSEM* 2024; 74:6483

Nocardiopsis mangrovi corrig. Huang *et al.* 2024, sp. nov.

Type strain: CGMCC 4.7119; DSM 46665; HA11166

Ref: *Antonie Van Leeuwenhoek* 2015; 107:1541-1546, VL216

Nonomuraea rhizosphaerae Zhao *et al.* 2024, sp. nov.

Type strain: CGMCC 4.7431; DSM 105761; NEAU mq18

Ref: *Antonie Van Leeuwenhoek* 2018; 111:2009-2016, VL216

Nonomuraea sediminis Liu *et al.* 2024, sp. nov.

Type strain: CICC 25119; H16431; JCM 34852

Ref: *Arch Microbiol* 2023; 205:91, VL216

Olsenella absiana Paek *et al.* 2024, sp. nov.

Type strain: KCTC 25800; NBRC 116680; YH-ols2223

Ref: *IJSEM* 2024; 74:6579

Paenarthrobacter aromaticivorans Oh *et al.* 2024, sp. nov.

Type strain: KCTC 49652; LMG 32368; MMS21-TAE1-1

Ref: *IJSEM* 2024; 74:6389

Paramicrobacterium agarici (Young *et al.* 2010) Lee *et al.* 2024, sp. nov.

Type strain: CCM 7686; CC-SBCK-209; DSM 21798

Ref: *Front Microbiol* 2023; 14:1299950, VL217

Paramicrobacterium chengjingii (Zhou *et al.* 2021) Lee *et al.* 2024, sp. nov.

Type strain: CGMCC 1.17468; GDMCC 1.1951; HY60; KACC 22102

Ref: *Front Microbiol* 2023; 14:1299950, VL217

Paramicrobacterium fandaimingii (Zhou *et al.* 2021) Lee *et al.* 2024, sp. nov.

Type strain: CGMCC 1.17469; GDMCC 1.1949; HY82; KACC 22101

Ref: *Front Microbiol* 2023; 14:1299950, VL217

Paramicrobacterium humi (Young *et al.* 2010) Lee *et al.* 2024, sp. nov.

Type strain: CC 12309; CCM 7687; DSM 21799

Ref: *Front Microbiol* 2023; 14:1299950, VL217

Pengzhenrongella frigida Liu *et al.* 2024, sp. nov.

Type strain: CGMCC 1.11116; HLT2-17; NBRC 110443

Ref: *IJSEM* 2024; 74:6433

Pengzhenrongella phosphoraccumulans Xie *et al.* 2024, sp. nov.

Type strain: CCTCC AB 2012967; M0-14; NRRL B-59105

Ref: *IJSEM* 2024; 74:6368

Phycoccus sonneratae corrig. Tang *et al.* 2024, sp. nov.

Type strain: CGMCC 1.18744; JCM 34337; MQZ13P-5

Ref: *Curr Microbiol* 2023; 80:393, VL217

Phytohabitans maris Yi *et al.* 2024, sp. nov.

Type strain: CCTCC AA 2023025; CGMCC 4.8025; JCM 36507; ZYX-F-186

Ref: *IJSEM* 2024; 74:6393

Plantactinospora soli Wang *et al.* 2024, sp. nov.

Type strain: CGMCC 4.7773; KLBMP 9567; NBRC 115787

Ref: *IJSEM* 2024; 74:6590

Polymorphospora lycopeni Liu *et al.* 2024, sp. nov.

Type strain: CGMCC 25954; HBU208002; KCTC 49833

Ref: *IJSEM* 2024; 74:6543

Pseudarthrobacter quantipunctorum Carrasco *et al.* 2024, sp. nov.

Type strain: LMG 33620; RC-2-3; RGM 3538

Ref: *IJSEM* 2024; 74:6536

Pseudonocardia tritici Song *et al.* 2024, sp. nov.

Type strain: CGMCC 4.7474; DSM 106068; NEAU YY211

Ref: *Antonie Van Leeuwenhoek* 2019; 112:765-773, VL216

Rhodococcoides corynebacterioides (Serrano *et al.* 1972) Val-Calvo and Vázquez-Boland 2024, sp. nov.

Type strain: ATCC 14898; CCUG 37877; CECT 420; CIP 104510; DSM 20151; IFO 14404; JCM 3376; JCM 3391; NBRC 14404; NCIB 9433; NCIMB 9433; NRRL B-24037

Ref: *mBio* 2023; 14:e0220723, VL216

Rhodococcoides fascians (Tilford 1936) Val-Calvo and Vázquez-Boland 2024, sp. nov.

Type strain: ATCC 12974; CFBP 2401; CGMCC 4.1817; CIP 104713; DSM 20669; ICMP 5833; IFO 12155; JCM 10002; LMG 3623; NBRC 12155; NCPPB 3067; NRRL B-16937; VKM Ac-1462

Ref: *mBio* 2023; 14:e0220723, VL216

Rhodococcoides kroppenstedtii (Mayilraj *et al.* 2006) Val-Calvo and Vázquez-Boland 2024, sp. nov.

Type strain: DSM 44908; JCM 13011; K-07-23; MTCC 6634; NBRC 103113; NCIMB 14317

Ref: *mBio* 2023; 14:e0220723, VL216

Rhodococcoides kyotonense (Li *et al.* 2007) Val-Calvo and Vázquez-Boland 2024, sp. nov.

Type strain: CTCC AB 206088; DS472; DSM 45159; IAM 15415; JCM 23211

Ref: *mBio* 2023; 14:e0220723, VL216

Rhodococcoides trifolii (Kämpfer *et al.* 2013) Val-Calvo and Vázquez-Boland 2024, sp. nov.

Type strain: CCM 7905; DSM 45580; LMG 26204; T8

Ref: *mBio* 2023; 14:e0220723, VL216

Rhodococcoides yunnanense (Zhang *et al.* 2005) Val-Calvo and Vázquez-Boland 2024, sp. nov.

Type strain: CCTCC AA 204007; DSM 44837; JCM 13366; KCTC 19021; NBRC 103083; NBRC

103115; YIM 70056

Ref: *mBio* 2023; 14:e0220723, VL216

Rhodococcus chondri Girão *et al.* 2024, sp. nov.

Type strain: CC-R104; LMG 33233; UCCCB 171

Ref: *IJSEM* 2024; 74:6483

Rhodococcus indonesiensis Kusuma *et al.* 2024, sp. nov.

Type strain: CCMM B1310; CSLK01-03; ICEBB 6; NCIMB 15214

Ref: *IJSEM* 2024; 74:6236

Rhodococcus navarretei Carrasco *et al.* 2024, sp. nov.

Type strain: EXRC-4A-4; LMG 33621; RGM 3539

Ref: *IJSEM* 2024; 74:6536

Ruicaihuangia caeni Liu *et al.* 2024, sp. nov.

Type strain: CCTCC AB 2022401; KCTC 49935; YN-L-19

Ref: *IJSEM* 2024; 74:6302

Saccharopolyspora ipomoeae Suksaard *et al.* 2024, sp. nov.

Type strain: NBRC 115967; TBRC 17271; T S4A08

Ref: *Curr Microbiol* 2024; 81:130, VL219

Saccharopolyspora oryzae Kammanee *et al.* 2024, sp. nov.

Type strain: NBRC 115560; TBRC 15728; WRP15-2

Ref: *J Antibiot (Tokyo)* 2023; 76:658-664, VL217

Salinibacterium metalliresistens Liu *et al.* 2024, sp. nov.

Type strain: CGMCC 1.61335; H3M29-4; JCM 36200

Ref: *Front Microbiol* 2023; 14:1289110, VL219

Salinibacterium sedimenticola Lu *et al.* 2024, sp. nov.

Type strain: GDMCC 1.3283; KCTC 49758; SYSU T00001

Ref: *Curr Microbiol* 2023; 80:142, VL216

Salinibacterium soli Wan *et al.* 2024, sp. nov.

Type strain: GDMCC 1.4011; JCM 36421; WY-16

Ref: *IJSEM* 2024; 74:6479

Sanguibacter biliveldensis Kiel *et al.* 2024, sp. nov.

Type strain: 4.1; DSM 117505; LMG 33571

Ref: *IJSEM* 2024; 74:6560

Sciscionella sediminilitoris Teo *et al.* 2024, sp. nov.

Type strain: DSM 46824; S E31; TBRC 5134

Ref: *Curr Microbiol* 2024; 81:124, VL218

Sinomonas terricola Wan *et al.* 2024, sp. nov.

Type strain: GDMCC 1.3730; JCM 35868; JGH33

Ref: *IJSEM* 2024; 74:6375

Speluncibacter jeojiensis Lee *et al.* 2024, sp. nov.

Type strain: D2-41; DSM 101875; KACC 17930

Ref: *IJSEM* 2024; 74:6267

Sphaerisporangium fuscum Guo *et al.* 2024, sp. nov.

Type strain: CICC 25115; H8589; JCM 34848

Ref: *Curr Microbiol* 2022; 79:362, VL216

Streptomyces akebiae Mo *et al.* 2024, sp. nov.

Type strain: JCM 34922; MCCC 1K06895; MG28

Ref: *Antonie Van Leeuwenhoek* 2022; 115:1297-1305, VL216

Streptomyces albipurpureus Jiang *et al.* 2024, sp. nov.

Type strain: CGMCC 4.7758; CWNU-1; JCM 35391; MCCC 1K07402

Ref: *IJSEM* 2024; 74:6357

Streptomyces anatolicus Ates *et al.* 2024, sp. nov.

Type strain: BG9H; CGMCC 4.7699; DSM 110966

Ref: *Antonie Van Leeuwenhoek* 2023; 116:1073-1090, VL216

Streptomyces antioxidans Ser *et al.* 2024, sp. nov.

Type strain: DSM 101523; MCCC 1K01590; MUSC 164

Ref: *Front Microbiol* 2016; 7:899, VL220

Streptomyces beigongshangae Liu *et al.* 2024, sp. nov.

Type strain: GDMCC 4.193; JCM 34712; REN17

Ref: *IJSEM* 2024; 74:6392

Streptomyces camelliae Yaxi *et al.* 2024, sp. nov.

Type strain: HUAS 2-6; JCM 35918; MCCC 1K04729

Ref: *Arch Microbiol* 2024; 206:256, VL219

Streptomyces castrisilvae Widén *et al.* 2024, sp. nov.

Type strain: CCUG 77596; DSM 117248; Mut1

Ref: *IJSEM* 2024; 74:6514

Streptomyces cathayae Mo *et al.* 2024, sp. nov.

Type strain: HUAS 5; JCM 36055; MCCC 1K08552

Ref: *Antonie Van Leeuwenhoek* 2024; 117:31, VL219

Streptomyces cavernicola Chamroensaksri *et al.* 2024, sp. nov.

Type strain: B-S-A6; NBRC 116118; TBRC 17074

Ref: *IJSEM* 2024; 74:6563

Streptomyces changanensis Wu *et al.* 2024, sp. nov.

Type strain: CGMCC 22674; HL-66; JCM 35800

Ref: *Curr Microbiol* 2023; 81:2, VL216

Streptomyces glycanivorans Widén *et al.* 2024, sp. nov.

Type strain: Alt3; CCUG 77600; DSM 117252

Ref: *IJSEM* 2024; 74:6514

Streptomyces herbicida Luo *et al.* 2024, sp. nov.

Type strain: CCTCC AA 2019088; DSM 113364; NEAU HV9

Ref: *IJSEM* 2024; 74:6263

Streptomyces luomodiensis Qi *et al.* 2024, sp. nov.

Type strain: GDMCC 4.340; JCM 36555; SCA4-21

Ref: *Front Microbiol* 2024; 15:1402653, VL219

Streptomyces luteolus Chamroensaksri *et al.* 2024, sp. nov.

Type strain: B-S-A12; NBRC 116116; TBRC 17060

Ref: *IJSEM* 2024; 74:6563

Streptomyces ortus Williams *et al.* 2024, sp. nov.

Type strain: A15ISP2-DRY2; DSM 113116; NCIMB 15405

Ref: *Microb Genom* 2023; 9:000996, VL215

Streptomyces profundus Ribeiro *et al.* 2024, sp. nov.

Type strain: DSM 115980; LMG 33094; MA3_2.13

Ref: *IJSEM* 2024; 74:6341

Streptomyces pyxinae Somphong *et al.* 2024, sp. nov.

Type strain: Lp05-1; NBRC 115434; TBRC 15494

Ref: *IJSEM* 2024; 74:6364

Streptomyces pyxinicus Somphong *et al.* 2024, sp. nov.

Type strain: Lp11; NBRC 115421; TBRC 15493

Ref: *IJSEM* 2024; 74:6364

Streptomyces solicavernae Chamroensaksri *et al.* 2024, sp. nov.

Type strain: B-S-A8; NBRC 116117; TBRC 17072

Ref: *IJSEM* 2024; 74:6563

Streptomyces spinosirectus Wang *et al.* 2024, sp. nov.

Type strain: CRSS-Y-16; JCM 35007; MCCC 1K06950

Ref: *Curr Microbiol* 2022; 80:27, VL216

Streptomyces vulcanius Jia *et al.* 2024, sp. nov.

Type strain: CGMCC 4.7177; DSM 42139; NEAU C3

Ref: *Antonie Van Leeuwenhoek* 2015; 107:15-21, VL220

Streptomyces xiangluensis Zhao *et al.* 2024, sp. nov.

Type strain: CGMCC 4.7466; DSM 105786; NEAU LA29

Ref: *Antonie Van Leeuwenhoek* 2018; 111:2249-2256, VL216

Svornostia abyssi Kapinusova *et al.* 2024, sp. nov.

Type strain: CCM 9300; DSM 113746; J379

Ref: *IJSEM* 2024; 74:6432

NEW SUBSPECIES

Kocuria marina subsp. *indica* (Dastager *et al.* 2014) Ghodhbane-Gtari *et al.* 2024, subsp. nov.,
comb. nov.

Basonym: *Kocuria indica* Dastager *et al.* 2014

Type strain: CCTCC AB 2011129; DSM 25126; NCIM 5455; NIO-1021

Ref: *IJSEM* 2024; 74:6586

Kocuria marina subsp. *marina* (Kim *et al.* 2004) Ghodhbane-Gtari *et al.* 2024, subsp. nov.

Type strain: CCUG 51442; DSM 16420; JCM 13363; KCTC 9943; KMM 3905

Ref: *IJSEM* 2024; 74:6586

Kocuria rosea subsp. *polaris* (Reddy *et al.* 2003) Ghodhbane-Gtari *et al.* 2024, subsp. nov., comb.
nov.

Basonym: *Kocuria polaris* Reddy *et al.* 2003

Type strain: CMS 76or; DSM 14382; JCM 12076; MTCC 3702; NBRC 103063

Ref: *IJSEM* 2024; 74:6586

Kocuria rosea subsp. *rosea* (Flügge 1886) Ghodhbane-Gtari *et al.* 2024, subsp. nov.

Type strain: ATCC 186; CCM 679; CCUG 4312; CIP 71.15; DSM 20447; IEGM 394; IFO 3768;
JCM 11614; LMG 14224; NBRC 3768; NCTC 7523; NRRL B-2977; VKM B-1823

Ref: *IJSEM* 2024; 74:6586

NEW COMBINATION

Actinacidiphila acidipaludis (Nammali *et al.* 2022) Komaki *et al.* 2024, comb. nov.

Basonym: *Streptomyces acidipaludis* Nammali *et al.* 2022

Type strain: NBRC 114297; PLK6-54; TBRC 11250

Ref: *Biosci Biotechnol Biochem* 2024; 88:689-695, VL219

Amorphoplanes auranticolor (Couch 1963) Roman *et al.* 2024, comb. nov.

Basonym: *Amorphosporangium auranticolor* Couch 1963 (Approved Lists 1980)

Type strain: 253; ATCC 15330; DSM 43031; HAMBI 1975; IFO 12245; JCM 3038; NBRC 12245;

NRRL B-3343; UNCC 253; VKM Ac-648

Ref: *IJSEM* 2024; 74:6464

Amorphoplanes digitatis (Couch 1963) Roman *et al.* 2024, comb. nov.

Basonym: *Actinoplanes digitatis* (Couch 1963) Stackebrandt and Kroppenstedt 1988

Type strain: 33; ATCC 15349; CGMCC 4.2097; DSM 43149; JCM 3060; NCIB 10182; NCIMB 10182; NRRL B-3345; UNCC 33; VKM Ac-649

Ref: *IJSEM* 2024; 74:6464

Amorphoplanes friuliensis (Aretz *et al.* 2001) Roman *et al.* 2024, comb. nov.

Basonym: *Actinoplanes friuliensis* Aretz *et al.* 2001

Type strain: CCUG 63250; DSM 45797; DSM 7358; HAG 10964; JCM 31203

Ref: *IJSEM* 2024; 74:6464

Amorphoplanes nipponensis (Wink *et al.* 2014) Roman *et al.* 2024, comb. nov.

Basonym: *Actinoplanes nipponensis* Wink *et al.* 2014

Type strain: ATCC 31145; DSM 43867; FH 2241; IFO 14063; NBRC 14063

Ref: *IJSEM* 2024; 74:6464

Antrihabitans cavernicola (Lee *et al.* 2020) Val-Calvo and Vázquez-Boland 2024, comb. nov.

Basonym: *Rhodococcus cavernicola* Lee *et al.* 2020

Type strain: C1-24; DSM 109484; KACC 19964

Ref: *mBio* 2023; 14:e0220723, VL216

Mycolicibacterium grossiae (Paniz-Mondolfi *et al.* 2017) Zhu *et al.* 2024, comb. nov.

Basonym: *Mycobacterium grossiae* Paniz-Mondolfi *et al.* 2017

Type strain: CIP 111318; DSM 104744; PB739

Ref: *IJSEM* 2024; 74:6271

Mycolicibacterium palauense (Nouioui *et al.* 2019) Zhu *et al.* 2024, comb. nov.

Basonym: *Mycobacterium palauense* Nouioui *et al.* 2019

Type strain: CECT 8779; DSM 44914

Ref: *IJSEM* 2024; 74:6221

Paractinoplanes abujensis (Sazak *et al.* 2012) Roman *et al.* 2024, comb. nov.

Basonym: *Actinoplanes abujensis* Sazak *et al.* 2012

Type strain: A4029; DSM 45518; KCTC 19984; NRRL B-24835

Ref: *IJSEM* 2024; 74:6464

Paractinoplanes aksuensis (Ding *et al.* 2023) Roman *et al.* 2024, comb. nov.

Basonym: *Actinoplanes aksuensis* Ding *et al.* 2023

Type strain: CCTCC AA 2021037; LMG 32622; TRM 88003

Ref: *IJSEM* 2024; 74:6464

Paractinoplanes atraurantiacus (Zhang *et al.* 2012) Roman *et al.* 2024, comb. nov.

Basonym: *Actinoplanes atraurantiacus* Zhang *et al.* 2012

Type strain: CGMCC 4.6857; DSM 45850; JCM 17700; Y16

Ref: *IJSEM* 2024; 74:6464

Paractinoplanes bogorensis (Nurkanto *et al.* 2016) Roman *et al.* 2024, comb. nov.

Basonym: *Actinoplanes bogorensis* Nurkanto *et al.* 2016

Type strain: InaCC A522; LIPI11-2-Ac043; NBRC 110975

Ref: *IJSEM* 2024; 74:6464

Paractinoplanes brasiliensis (Thiemann *et al.* 1969) Roman *et al.* 2024, comb. nov.

Basonym: *Actinoplanes brasiliensis* Thiemann *et al.* 1969

Type strain: A/672; ATCC 25844; DSM 43805; IFO 13938; JCM 3196; NBRC 13938; NCIMB 12642; NRRL B-16714; VKM Ac-1320

Ref: *IJSEM* 2024; 74:6464

Paractinoplanes cibodasensis (Nurkanto *et al.* 2015) Roman *et al.* 2024, comb. nov.

Basonym: *Actinoplanes cibodasensis* Nurkanto *et al.* 2015

Type strain: InaCC A458; LIPI11-2-Ac042; NBRC 110974

Ref: *IJSEM* 2024; 74:6464

Paractinoplanes deccanensis (Parenti *et al.* 1975) Roman *et al.* 2024, comb. nov.

Basonym: *Actinoplanes deccanensis* Parenti *et al.* 1975 (Approved Lists 1980)

Type strain: A/10655; ATCC 21983; DSM 43806; IFO 13994; JCM 3247; NBRC 13994; NCIMB 12643; NRRL B-16715

Ref: *IJSEM* 2024; 74:6464

Paractinoplanes deserti (Habib *et al.* 2019) Roman *et al.* 2024, comb. nov.

Basonym: *Actinoplanes deserti* Habib *et al.* 2019

Type strain: CCTCC AB 2018113; KCTC 39543; YIM CF22

Ref: *IJSEM* 2024; 74:6464

Paractinoplanes durhamensis (Goodfellow *et al.* 1990) Roman *et al.* 2024, comb. nov.

Basonym: *Actinoplanes durhamensis* Goodfellow *et al.* 1990

Type strain: ATCC 49800; DSM 43939; IFO 14914; JCM 7625; LA 139; NBRC 14914; NRRL B-16689

Ref: *IJSEM* 2024; 74:6464

Paractinoplanes ferrugineus (Palleroni 1979) Roman *et al.* 2024, comb. nov.

Basonym: *Actinoplanes ferrugineus* Palleroni 1979

Type strain: ATCC 29868; DSM 43807; IFO 15555; JCM 3277; NBRC 15555; NCIMB 12644; NRRL B-16718; X-14695

Ref: *IJSEM* 2024; 74:6464

Paractinoplanes globisporus (Thiemann 1967) Roman *et al.* 2024, comb. nov.

Basonym: *Amorphosporangium globisporum* Thiemann 1967 (Approved Lists 1980)

Type strain: ATCC 23056; DSM 43857; DSM 43894; IFO 13912; JCM 3186; NBRC 13912; NCIMB 12638; SS/37

Ref: *IJSEM* 2024; 74:6464

Paractinoplanes hotanensis (Ding *et al.* 2023) Roman *et al.* 2024, comb. nov.

Basonym: *Actinoplanes hotanensis* Ding *et al.* 2023

Type strain: CCTCC AA 2021036; LMG 32621; TRM 88002

Ref: *IJSEM* 2024; 74:6464

Paractinoplanes lichenicola (Saeng-in *et al.* 2021) Roman *et al.* 2024, comb. nov.

Basonym: *Actinoplanes lichenicola* Saeng-in *et al.* 2021

Type strain: JCM 33066; LDG1-01; TISTR 2982

Ref: *IJSEM* 2024; 74:6464

Paractinoplanes maris (Xie *et al.* 2023) Roman *et al.* 2024, comb. nov.

Basonym: *Actinoplanes maris* Xie *et al.* 2023

Type strain: CGMCC 4.7854; DSM 101017; M4I6

Ref: *IJSEM* 2024; 74:6464

Paractinoplanes ovalisporus (Saeng-in *et al.* 2021) Roman *et al.* 2024, comb. nov.

Basonym: *Actinoplanes ovalisporus* Saeng-in *et al.* 2021

Type strain: JCM 33067; LDG1-06; TISTR 2983

Ref: *IJSEM* 2024; 74:6464

Paractinoplanes polyasparticus (Ding *et al.* 2023) Roman *et al.* 2024, comb. nov.

Basonym: *Actinoplanes polyasparticus* Ding *et al.* 2023

Type strain: CCTCC AA 2021015; LMG 32389; TRM 66264-DLM

Ref: *IJSEM* 2024; 74:6464

Paractinoplanes pyxinae (Somphong *et al.* 2024) Roman *et al.* 2024, comb. nov.

Basonym: *Actinoplanes pyxinae* Somphong *et al.* 2024

Type strain: NBRC 115836; Pm04-4; TBRC 16207

Ref: *IJSEM* 2024; 74:6464

Paractinoplanes ramoplaninifer (Marccone *et al.* 2017) Roman *et al.* 2024, comb. nov.

Basonym: *Actinoplanes ramoplaninifer* Marccone *et al.* 2017

Type strain: ATCC 33076; DSM 105064; NRRL B-65484

Ref: *IJSEM* 2024; 74:6464

Paractinoplanes rhizophilus (He *et al.* 2015) Roman *et al.* 2024, comb. nov.

Basonym: *Actinoplanes rhizophilus* He *et al.* 2015

Type strain: CGMCC 4.7133; DSM 46672; NEAU A2

Ref: *IJSEM* 2024; 74:6464

Paractinoplanes rishiriensis (Yamamura *et al.* 2012) Roman *et al.* 2024, comb. nov.

Basonym: *Actinoplanes rishiriensis* Yamamura *et al.* 2012

Type strain: BCC 49184; DSM 45866; NBRC 108556; RCA 114; RI50-RCA114

Ref: *IJSEM* 2024; 74:6464

Paractinoplanes sediminis (Qu *et al.* 2018) Roman *et al.* 2024, comb. nov.

Basonym: *Actinoplanes sediminis* Qu *et al.* 2018

Type strain: CCTCC AA 2016022; DSM 100965; M4147

Ref: *IJSEM* 2024; 74:6464

Paractinoplanes tereljensis (Ara *et al.* 2010) Roman *et al.* 2024, comb. nov.

Basonym: *Actinoplanes tereljensis* Ara *et al.* 2010

Type strain: DSM 45572; MN07-A0371; NBRC 105297; VTCC D9-10

Ref: *IJSEM* 2024; 74:6464

Paractinoplanes toevensis (Ara *et al.* 2010) Roman *et al.* 2024, comb. nov.

Basonym: *Actinoplanes toevensis* Ara *et al.* 2010

Type strain: DSM 45573; MN07-A0368; NBRC 105298; VTCC D9-11

Ref: *IJSEM* 2024; 74:6464

Paractinoplanes tropicalis (Nurkanto *et al.* 2015) Roman *et al.* 2024, comb. nov.

Basonym: *Actinoplanes tropicalis* Nurkanto *et al.* 2015

Type strain: InaCC A459; LIPI11-2-Ac034; NBRC 110973

Ref: *IJSEM* 2024; 74:6464

Rothia uropygialis (Braun *et al.* 2018) Ghodhbane-Gtari *et al.* 2024, comb. nov.

Basonym: *Kocuria uropygialis* Braun *et al.* 2018

Type strain: 36; DSM 101740; LMG 29265

Ref: *IJSEM* 2024; 74:6586

Rothia uropygioeca (Braun *et al.* 2018) Ghodhbane-Gtari *et al.* 2024, comb. nov.

Basonym: *Kocuria uropygioeca* Braun *et al.* 2018

Type strain: 257; DSM 101741; LMG 29266

Ref: *IJSEM* 2024; 74:6586

Symbioplanes lichenis (Phongsopitanun *et al.* 2016) Roman *et al.* 2024, comb. nov.

Basonym: *Actinoplanes lichenis* Phongsopitanun *et al.* 2016

Type strain: JCM 30485; LDG1-22; PCU 344; TISTR 2343

Ref: *IJSEM* 2024; 74:6464

Winogradskya consettensis (Goodfellow *et al.* 1990) Roman *et al.* 2024, comb. nov.

Basonym: *Actinoplanes consettensis* Goodfellow *et al.* 1990

Type strain: ATCC 49799; DSM 43942; IFO 14913; JCM 7624; LA 97; NBRC 14913; NRRL B-16688

Ref: *IJSEM* 2024; 74:6464

Winogradskya humida (Goodfellow *et al.* 1990) Roman *et al.* 2024, comb. nov.

Basonym: *Actinoplanes humida* Goodfellow *et al.* 1990

Type strain: ATCC 49801; DSM 43938; IFO 14915; JCM 7555; LA 6; NBRC 14915; NRRL B-16690

Ref: *IJSEM* 2024; 74:6464

EMENDATION OF SUBORDER

Corynebacteriineae corrig. Stackebrandt *et al.* 1997 emend. Val-Calvo and Vázquez-Boland 2023
Ref: *mBio* 2023; 14:e0220723, LCTO40

EMENDATION OF GENUS

Jatrophihabitans Madhaiyan *et al.* 2013 emend. Suh *et al.* 2024
Ref: *Antonie Van Leeuwenhoek* 2024; 117:19, LCTO40

Kribbella Park *et al.* 1999 emend. Avtukh *et al.* 2023
Ref: *Microbiology (Russia)* 2023; 92:609-621, LCTO39

Mycobacterium Lehmann and Neumann 1896 (Approved Lists 1980) emend. Val-Calvo and Vázquez-Boland 2023
Ref: *mBio* 2023; 14:e0220723, LCTO40

Mycobacteroides Gupta *et al.* 2018 emend. Val-Calvo and Vázquez-Boland 2023
Ref: *mBio* 2023; 14:e0220723, LCTO40

Pengzhenrongella Kim *et al.* 2021 emend. Xie *et al.* 2024
Ref: *IJSEM* 2024; 74:6368

Rhodococcus Zopf 1891 (Approved Lists 1980) emend. Val-Calvo and Vázquez-Boland 2023
Ref: *mBio* 2023; 14:e0220723, LCTO40

Sciscionella Tian *et al.* 2009 emend. Teo *et al.* 2024
Ref: *Curr Microbiol* 2024; 81:124, LCTO40

EMENDATION OF SPECIES

Curtobacterium citreum (Komagata and Iizuka 1964) Yamada and Komagata 1972 (Approved Lists 1980) emend. Osdaghi *et al.* 2024
Ref: *Syst Appl Microbiol* 2024; 47:126489, LCTO40

Curtobacterium flaccumfaciens (Hedges 1922) Collins and Jones 1984 emend. Osdaghi *et al.* 2024
Ref: *Syst Appl Microbiol* 2024; 47:126489, LCTO40

Kocuria marin Kim *et al.* 2004 emend. Ghodhbane-Gtari *et al.* 2024
Ref: *IJSEM* 2024; 74:6586

Kocuria rosea (Flügge 1886) Stackebrandt *et al.* 1995 emend. Ghodhbane-Gtari *et al.* 2024
Ref: *IJSEM* 2024; 74:6586

Streptomyces goshikiensis Niida 1966 (Approved Lists 1980) emend. Mo *et al.* 2023
Ref: *Antonie Van Leeuwenhoek* 2023; 116:531-540, LCTO39

Streptomyces tanashiensis Hata *et al.* 1952 (Approved Lists 1980) emend. Ates *et al.* 2023
Ref: *Antonie van Leeuwenhoek* 2023; 116:1073-1090, LCTO40

SYNONYM

Actinomadura glauciflava Lu *et al.* 2003 pro synonym. *Actinomadura luteofluorescens* (Shinobu 1962)
Preobrazhenskaya *et al.* 1975 (Approved Lists 1980)
Ref: *IJSEM* 2024; 74:6609

Curtobacterium albidum (Komagata and Iizuka 1964) Yamada and Komagata 1972 (Approved Lists 1980) pro synonym. *Curtobacterium citreum* (Komagata and Iizuka 1964) Yamada and Komagata 1972 (Approved Lists 1980)
Ref: *Syst Appl Microbiol* 2024; 47:126489, LCTO40

Kineococcus aureolus Xu *et al.* 2017 pro synonym. *Kineococcus terrestris* Xu *et al.* 2017
Ref: *IJSEM* 2024; 74:6504

Microbacterium ketosireducens Takeuchi and Hatano 1998 pro synonym. *Microbacterium terrae* (Yokota *et al.* 1993) Takeuchi and Hatano 1998
Ref: *Front Microbiol* 2023; 14:1299950, LCTO40

Microbacterium kitamiense Matsuyama *et al.* 1999 pro synonym. *Microbacterium aurantiacum* Takeuchi and Hatano 1998
Ref: *Front Microbiol* 2023; 14:1299950, LCTO40

Microbacterium maritypicum corrig. (ZoBell and Upham 1944) Takeuchi and Hatano 1998 pro synonym. *Microbacterium liquefaciens* (Collins *et al.* 1983 ex Orla-Jensen 1919) Takeuchi and Hatano 1998
Ref: *Front Microbiol* 2023; 14:1299950, LCTO40

Ornithinicoccus soli Jiang *et al.* 2020 pro synonym. *Segeticoccus rhizosphaerae* Lee and Whang 2020
Ref: *IJSEM* 2024; 74:6504

Rhodococcus electrodiphilus Ramaprasad *et al.* 2018 pro synonym. *Rhodococcus ruber* (Kruse 1896) Goodfellow and Alderson 1977 (Approved Lists 1980)
Ref: *IJSEM* 2024; 74:6236

Streptomyces demainii Goodfellow *et al.* 2008 pro synonym. *Streptomyces hygrosopicus* (Jensen 1931) Yüntsen *et al.* 1956 (Approved Lists 1980)
Ref: *Microorganisms* 2022; 10:349, LCTO40

Streptomyces nashvillensis McVeigh and Reyes 1961 (Approved Lists 1980) pro synonym. *Streptomyces tanashiensis* Hata *et al.* 1952 (Approved Lists 1980)
Ref: *Antonie van Leeuwenhoek* 2023; 116:1073-1090, LCTO40

Streptomyces sporocinereus (ex Krassilnikov 1970) Preobrazhenskaya 1986 pro synonym. *Streptomyces hygrosopicus* (Jensen 1931) Yüntsen *et al.* 1956 (Approved Lists 1980)
Ref: *Microorganisms* 2022; 10:349, LCTO40

Streptomyces sporoverrucosus (ex Krassilnikov 1970) Preobrazhenskaya 1986 pro synonym. *Streptomyces goshikiensis* Niida 1966 (Approved Lists 1980)
Ref: *Antonie Van Leeuwenhoek* 2023; 116:531-540, LCTO39

**Amino acid biosynthesis to boot-up the secondary metabolism
for peptide natural products in *Streptomyces* bacteria**

Fumihito HASEBE

Graduate School of Bioscience and Biotechnology, Fukui Prefectural University

Introduction

Amino acids contain both amino and carboxylic acid functional groups. Among all known amino acids, 22 (the 20 canonical amino acids along with selenocysteine and pyrrolysine) can be incorporated into proteins and are classified as proteinogenic [Böck *et al.* 1991, Rother *et al.* 2010]. Proteinogenic and non-proteinogenic amino acids serve as precursors in the biosynthesis of secondary metabolites, including peptides generated by the ribosome or non-ribosomal peptide synthetases. Because amino acids often function as fundamental building blocks in these pathways, the discovery of novel amino acids expands the chemical diversity of natural products. Accordingly, a deeper understanding of amino acid biosynthesis can facilitate the identification of novel natural compounds and the development of more efficient production strategies.

Streptomyces species are known to produce diverse secondary metabolites, including avermectin, cephamycin C, vancomycin, and daptomycin. These natural compounds are biosynthesized using specific amino acids that serve as precursors [Ikeda *et al.* 1995, van Wageningen *et al.* 1998, Liras 1999, Miao *et al.* 2005]. Numerous genome sequences from *Streptomyces* strains have been reported, enabling genome mining approaches to uncover novel secondary metabolites and biosynthetic enzymes [Ziemert *et al.* 2016, Scherlach *et al.* 2021]. Elucidating amino acid biosynthesis in *Streptomyces* may therefore lead to the discovery of novel compounds and improvements in metabolite production yields.

This review highlights amino acid biosynthesis that supports secondary metabolism and enables the biosynthesis of peptide-based natural products in *Streptomyces* species.

A novel amino acid biosynthesis mediated by amino-group carrier proteins

Carrier proteins play central roles in the biosynthesis of natural products [Cane *et al.* 1999, Hertweck 2009]. Acyl carrier proteins (ACPs) and peptidyl carrier proteins (PCPs) participate in synthesizing fatty acids, polyketides, and non-ribosomal peptides. These small proteins (approximately 9 kDa) undergo post-translational modification by

phosphopantetheinyl transferases that attach a 4'-phosphopantetheine moiety to a conserved serine residue [Beld *et al.* 2014]. The thiol group of the phosphopantetheine forms a thioester bond with the carboxyl group of a substrate. After successive modifications and chain elongation, the final products detach from the carrier protein.

Amino-group carrier protein (AmCP) was first identified as LysW, involved in lysine biosynthesis in *Thermus thermophilus*, a Gram-negative bacterium adapted to extreme heat [Horie *et al.* 2009]. LysW is an acidic protein composed of 54 amino acids with a C-terminal sequence of residues 50–54: EDWGE. In this AmCP-mediated pathway, the enzyme LysX attaches the amino group of 2-aminoadipic acid (AAA) to the γ -carboxyl group of the C-terminal glutamate residue of LysW via an isopeptide bond. The resulting LysW- γ -AAA conjugate is enzymatically converted into LysW- γ -lysine by LysZ, LysY, and LysJ. Finally, LysK hydrolyzes the isopeptide bond, releasing lysine and regenerating LysW.

A similar AmCP-mediated mechanism has been found in the arginine biosynthetic pathway in *Sulfolobus acidocaldarius*, a thermoacidophilic crenarchaeon [Ouchi *et al.* 2013]. In this pathway, the LysX homolog ArgX attaches glutamate (Glu) in place of AAA to the C-terminal glutamate of LysW, forming an intermediate that leads to ornithine production. In the hyperthermophilic euryarchaeon *Thermococcus kodakarensis*, a LysX homolog can attach both AAA and Glu to a LysW homolog, forming isopeptide bonds [Yoshida *et al.* 2016]. In all known AmCP-mediated systems, AmCPs protect the α -amino groups of AAA or Glu and function as carrier proteins, thereby facilitating enzyme recognition of biosynthetic intermediates through electrostatic interactions [Ouchi *et al.* 2013, Yoshida *et al.* 2015, Shimizu *et al.* 2016].

Genome sequence analyses have revealed that some *Streptomyces* species possess *amcp* genes and associated biosynthetic elements. Since these species also contain canonical lysine and arginine biosynthetic genes, it has been proposed that AmCP-mediated pathways may be involved in producing secondary metabolites. However, this possibility was not experimentally confirmed until 2016.

In *Streptomyces* sp. SANK 60404, an AmCP-mediated pathway produces a novel non-proteinogenic amino acid, (2*S*,6*R*)-diamino-(5*R*,7)-dihydroxy-heptanoic acid (DADH) (Fig. 1) [Hasebe *et al.* 2016]. The LysX homolog Vzb23 catalyzes the formation of an isopeptide bond between Glu and the C-terminal glutamate of the AmCP Vzb22, forming Vzb22- γ -Glu. Subsequent enzymatic steps, mediated by Vzb25, Vzb24, Vzb27, Vzb28, and Vzb9, lead to the production of the Vzb22-DADH conjugate. Vzb26 then hydrolyzes the isopeptide bond to release free DADH. This amino acid is further incorporated into two novel dipeptides, vazabotide A and vazabotide B [Hasebe *et al.*

2016]. Notably, vazabotide A contains a 1-azabicyclo[3.1.0]hexane moiety, a rare structural feature also found in azinomycin B [Zhao *et al.* 2008] and ficellomycin [Argoudelis *et al.* 1976, Kuo *et al.* 1989, Fulke-Adel *et al.* 2011]. Although DADH, vazabotide A, and vazabotide B exhibit neither antimicrobial nor cytotoxic activity, DADH selectively inhibits hypocotyl elongation in *Arabidopsis thaliana* [Hasebe *et al.* 2016].

PCR-based screening has revealed that AmCP-encoding genes are widely distributed among actinomycetes [Matsuda *et al.* 2017]. Furthermore, the novel compound s56-p1, containing a putative DADH-derived structure and a unique hydrazone moiety, has also been discovered [Matsuda *et al.* 2017].

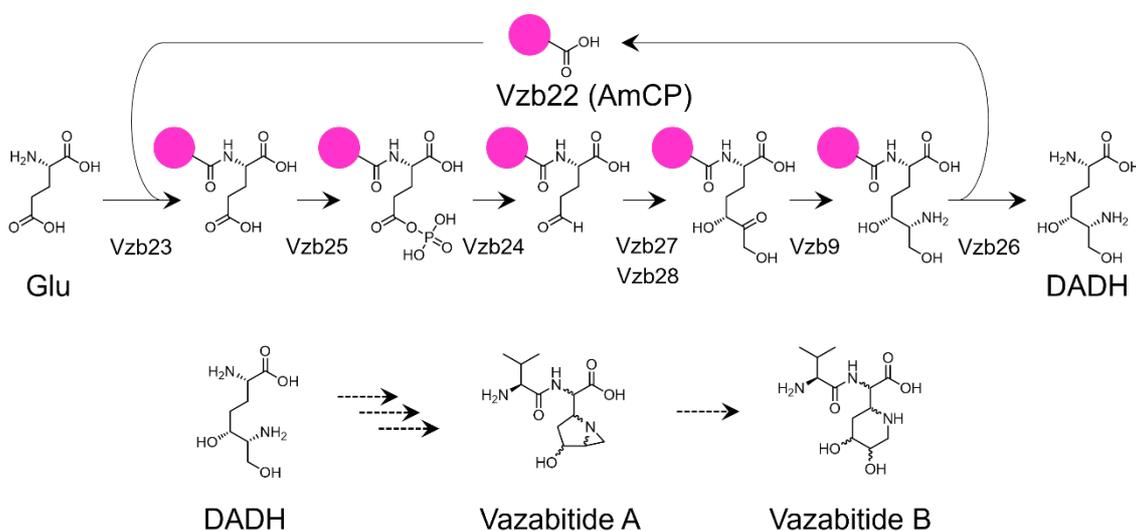


Fig. 1 Biosynthetic pathway of DADH mediated by Vzb22 (AmCP) and formation of vazabitides A and B derived from DADH.

Homopoly(amino acid) production enhanced by genetic engineering of the amino acid biosynthetic pathway

ϵ -Poly-L-lysine (ϵ -PL) is a homopoly(amino acid) composed of 25 to 35 L-lysine residues linked by isopeptide bonds. It is produced by *Streptomyces albulus* NBRC14147 [Shima *et al.* 1977, 1981-1,2]. ϵ -PL exhibits antimicrobial and antiviral activity, is non-toxic to humans, biodegrades readily, and penetrates intracellular spaces [Shima *et al.* 1982, 1984, Hamano *et al.* 2006, 2010]. Because of these attributes, ϵ -PL is widely used as a food preservative and a cell-penetrating agent [Hamano *et al.* 2007, Xu *et al.* 2016, Wang *et al.* 2021, Takeuchi *et al.* 2022]. With its expanding applications, global demand for ϵ -PL continues to rise.

The homopolymerization of L-lysine in ϵ -PL biosynthesis is catalyzed by ϵ -PL synthetase (Pls) [Yamanaka *et al.* 2008]. In most bacteria, L-lysine is biosynthesized from

aspartic acid via the *meso*-2,6-diaminopimelic acid (DAP) pathway. This pathway begins with aspartate kinase (Ask), which phosphorylates the β -carboxyl group of L-aspartate. The resulting 4-phospho-L-aspartate is converted by aspartate semialdehyde dehydrogenase (Asd) into L-aspartic 4-semialdehyde, a common intermediate in pathways leading to lysine, threonine, and methionine. In lysine biosynthesis, this intermediate is transformed by dihydrodipicolinate synthase (DapA), whereas in threonine and methionine biosynthesis, it is reduced by homoserine dehydrogenase (Hsd). The product of DapA is further reduced by 4-hydroxy-tetrahydrodipicolinate reductase (DapB), followed by four additional enzymatic steps catalyzed by DapD, DapC, DapE, and DapF, ultimately yielding DAP. Finally, DAP is decarboxylated by diaminopimelate decarboxylase (LysA) to form L-lysine. Notably, the addition of 2,6-pyridinedicarboxylate—a known inhibitor of DapA and DapB—completely inhibited ϵ -PL production in *S. albulus* NBRC14147, suggesting that the lysine required for ϵ -PL biosynthesis derives primarily from the DAP pathway [Hasebe *et al.* 2025].

Various strategies have been developed to improve ϵ -PL yield. In mutagenesis-based approaches, strains exhibiting tolerance to inhibitors such as *S*-(2-aminoethyl)-L-cysteine (AEC) and glycine [Hiraki *et al.* 1998], high glucose concentrations [Li *et al.* 2012], elevated ϵ -PL concentrations [Zhou *et al.* 2015], or antibiotics (e.g., streptomycin, gentamicin, rifamycin, geneticin, paromomycin, and lincomycin) [Wang *et al.* 2019] have been selected for their enhanced productivity compared to the parental strains. In addition, genetic engineering strategies have been applied to construct strains optimized for high ϵ -PL production. These include expressing a feedback-inhibition-resistant *ask* variant [Hamano *et al.* 2007], overexpressing *dapA* or *pls* [Li *et al.* 2021, Wang *et al.* 2020], and inactivating secondary metabolite biosynthetic pathways that compete with ϵ -PL production [Yamanaka *et al.* 2020].

Transcriptional analyses using reverse transcription PCR (RT-PCR) and RNA-Seq during ϵ -PL fermentation in *S. albulus* NBRC14147 revealed weak expression of *dapB* and *dapE* [Hasebe *et al.* 2023]. In fed-batch fermentations performed in jar fermenters, strains engineered to constitutively express either *dapB* or *dapE* exhibited accelerated ϵ -PL production. Notably, the strain overexpressing *dapB* achieved a 14% increase in maximum ϵ -PL yield compared to the control strain (Fig. 2).

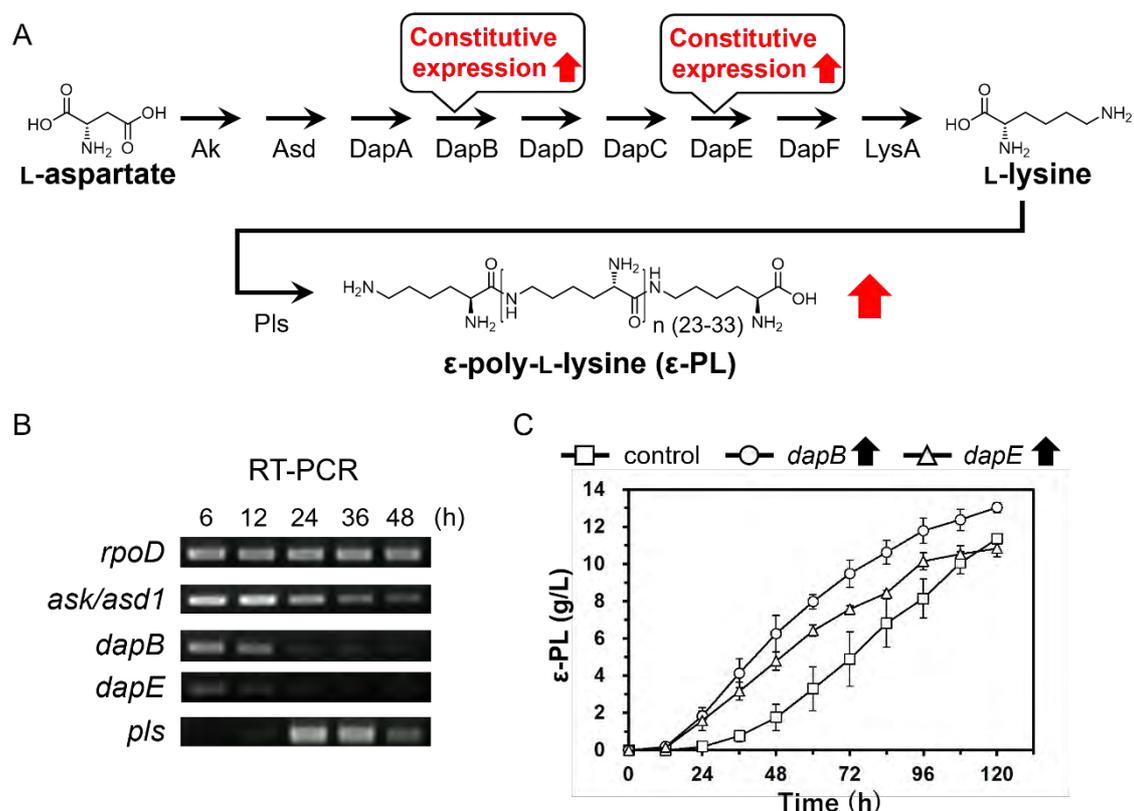


Fig. 2 Improved ϵ -PL production by constitutive expression of low-expression genes in the DAP biosynthetic pathway during fermentation. A. ϵ -PL biosynthesis via the DAP pathway. B. Transcriptional analysis of DAP pathway genes during ϵ -PL fermentation in *S. albulus*, detected using RT-PCR. C. Fed-batch fermentation of *S. albulus* transformants constitutively expressing either *dapB* or *dapE*.

A novel methionine biosynthetic pathway conserved among *Streptomyces* species

Methionine is a sulfur-containing proteinogenic amino acid. It also functions as the immediate precursor to *S*-adenosyl-L-methionine (SAM), a universal methyl donor used in primary and secondary metabolism [Cantoni 1975, Ikeda *et al.* 1995, 1998, Oster *et al.* 2006, Zhang *et al.* 2007, 2008, Pickens *et al.* 2010]. Because methionine biosynthetic pathways are attractive targets for metabolic engineering and antibiotic discovery, they have been studied extensively in microorganisms and plants [Ravanel *et al.* 1998, Ferla *et al.* 2014].

In the canonical bacterial methionine biosynthetic pathway, L-homoserine is synthesized from L-aspartate through sequential reactions catalyzed by Ask, Asd, and Hsd, as described above. Subsequently, L-homoserine undergoes *O*-acylation mediated by either MetA or MetX. The resulting *O*-acylated L-homoserine is then converted to methionine via L-homocysteine through the action of three enzymes: cystathionine γ -

synthase (Cgs), cystathionine β -lyase, and homocysteine *S*-methyltransferase. Beyond this conserved pathway, alternative methionine biosynthetic pathways have been identified in archaea and plants. For example, in archaea, MJ0099 and MJ0100 catalyze the conversion of the intermediate generated by Asd to L-homocysteine [Allen *et al.* 2015], while in plants, a plant-type Cgs converts *O*-phospho-L-homoserine—generated by phosphorylation of L-homoserine via homoserine kinase (Hsk)—into L-homocysteine [Ravanel *et al.* 1998].

Interestingly, genome sequence analyses have revealed that genes encoding MetA and MetX are absent in many *Streptomyces* species. Since these genes are essential for the conversion of L-homoserine to L-homocysteine in the canonical bacterial pathway, these species are presumed to possess alternative, previously uncharacterized genes that fulfill this biosynthetic function.

In *S. albulus* NBRC14147, a novel L-homocysteine synthase, designated MetM, has been identified as the enzyme responsible for this key conversion in methionine biosynthesis (Fig. 3) [Hasebe *et al.* 2024]. MetM catalyzes the direct conversion of *O*-phospho-L-homoserine, which is also involved in threonine biosynthesis, into L-homocysteine. In this reaction, the sulfur donor is a post-translationally thiocarboxylated sulfur carrier protein encoded by *metO*, a downstream gene adjacent to *metM*. Bioinformatic analyses have revealed that *metM* homologs are highly conserved among *Streptomyces* species and are also found in certain members of Archaea (e.g., Euryarchaeota and Thaumarchaeota) and Bacteria (e.g., Actinomycetota, Cyanobacteria, Acidobacteriota, Nitrospirota, and Aquificota). Moreover, a putative SAM riboswitch has been identified in the upstream region adjacent to *metM*, suggesting that its expression may be regulated by intracellular SAM levels. Although MetM interacts with MetO, the specific amino acid residues that mediate this interaction remain unclear.

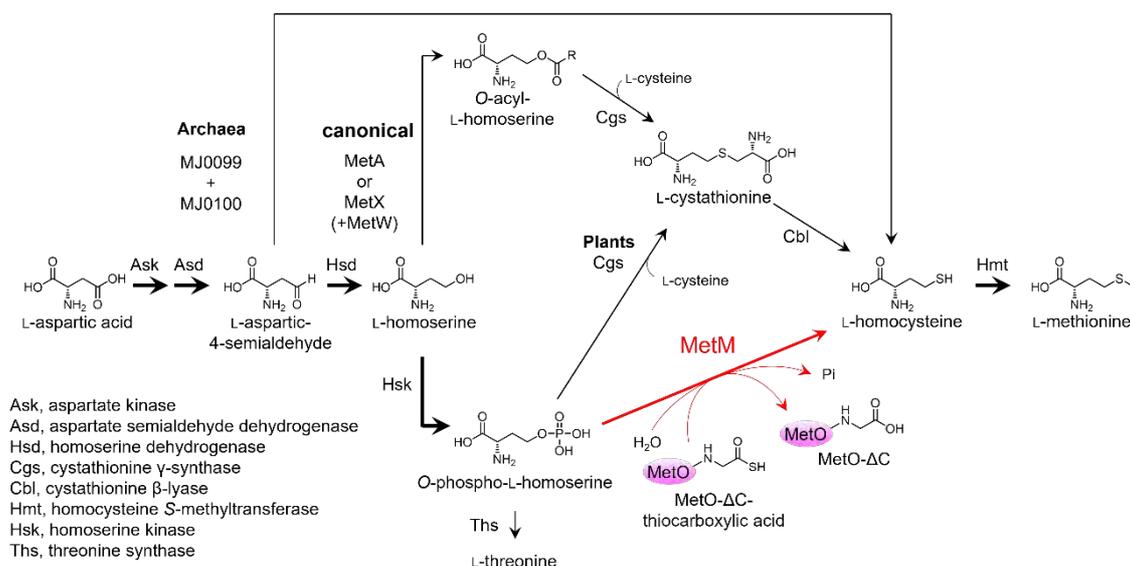


Fig. 3 Methionine biosynthetic pathways.

Conclusion

Streptomyces species are attractive producers of structurally diverse natural products, many of which are biosynthesized using amino acids or chemically modified, often with methylation, to expand chemical space. This review has highlighted the role of amino acid biosynthesis in supporting secondary metabolism, particularly peptide natural product biosynthesis. In addition, this review has described a methionine biosynthetic pathway conserved among *Streptomyces* species, representing a novel route for methionine production. Continued investigation into amino acid biosynthetic pathways in *Streptomyces* may lead to the discovery of novel compounds and support the development of new strategies to enhance both the yield and structural diversity of secondary metabolites of interest.

Acknowledgments

It is a great honor for me to receive the Society for Actinomycetes Japan Hamada Award for 2024. These studies were performed at the University of Tokyo, University of Shizuoka, and Fukui Prefectural University. I am very grateful to Professors Tomohisa Kuzuyama and Makoto Nishiyama (University of Tokyo), Prof. Nobutaka Funa (University of Shizuoka), and Professors Chitose Maruyama and Yoshimitsu Hamano (Fukui Prefectural University) for their tremendous support. I also thank all collaborators and colleagues for their cooperation throughout this work.

References

- Allen, K. D., et al. (2015).** Homocysteine is biosynthesized from aspartate semialdehyde and hydrogen sulfide in methanogenic archaea. *Biochemistry*. 54, 3129–32.
- Argoudelis, A. D., et al. (1976).** Antibiotics produced by *Streptomyces ficellus*. I. Ficellomycin. *J. Antibiot. (Tokyo)*. 29, 1001–6.
- Beld, J., et al. (2014).** The phosphopantetheinyl transferases: catalysis of a post-translational modification crucial for life. *Nat. Prod. Rep.* 31, 61–108.
- Böck, A., et al. (1991).** Selenocysteine: the 21st amino acid. *Mol. Microbiol.* 5, 515–20.
- Cane, D. E., et al. (1999).** The parallel and convergent universes of polyketide synthases and nonribosomal peptide synthetases. *Chem. Biol.* 6, R319-25.
- Cantoni, G. L. (1975).** Biological methylation: selected aspects. *Annu. Rev. Biochem.* 44, 435–51.
- Ferla, M. P., et al. (2014).** Bacterial methionine biosynthesis. *Microbiology (Reading)*. 160, 1571–1584.
- Foulke-Abel, J., et al. (2011).** Mode of action and biosynthesis of the azabicyclic-containing natural products azinomycin and ficellomycin. *Nat. Prod. Rep.* 28, 693–704.
- Hamano, Y., et al. (2006).** Biological function of the *pld* gene product that degrades ϵ -poly-L-lysine in *Streptomyces albulus*. *Appl. Microbiol. Biotechnol.* 72, 173–181.
- Hamano, Y., et al. (2007).** ϵ -Poly-L-lysine producer, *Streptomyces albulus*, has feedback-inhibition resistant aspartokinase. *Appl. Microbiol. Biotechnol.* 76, 873–882.
- Hasebe, F., et al. (2016).** Amino-group carrier-protein-mediated secondary metabolite biosynthesis in *Streptomyces*. *Nat. Chem. Biol.* 12, 967–972.
- Hasebe, F., et al. (2023).** Constitutive and high gene expression in the diaminopimelate pathway accelerates ϵ -poly-L-lysine production in *Streptomyces albulus*. *J. Antibiot. (Tokyo)*. 76, 522–531.
- Hasebe, F., et al. (2024).** Discovery of a novel methionine biosynthetic route via *O*-phospho-L-homoserine. *Appl. Environ. Microbiol.* 90, e0124724.
- Hasebe, F., et al. (2025).** Lysine source for ϵ -poly-L-lysine biosynthesis depends on diaminopimelate pathway during its production in *Streptomyces albulus*. *J. Biosci. Bioeng.* 140, 9-13.
- Hertweck, C. (2009).** The biosynthetic logic of polyketide diversity. *Angew. Chem. Int. Ed. Engl.* 48, 4688–716.
- Hiraki, J., et al. (1998).** Improved ϵ -poly-L-lysine production of an *S*-(2-aminoethyl)-L-cysteine resistant mutant of *Streptomyces albulus*. *Seibutsu-kogaku Kaishi*. 76, 487–493.
- Horie, A., et al. (2009).** Discovery of proteinaceous N-modification in lysine biosynthesis of *Thermus thermophilus*. *Nat. Chem. Biol.* 5, 673–9.
- Ikeda, H., et al. (1995).** Control of avermectin biosynthesis in *Streptomyces avermitilis* for the selective production of a useful component. *J. Antibiot. (Tokyo)*. 48, 549–62.

- Ikeda, H., et al. (1998).** Cloning of the gene encoding avermectin B 5-*O*-methyltransferase in avermectin-producing *Streptomyces avermitilis*. *Gene*. 206, 175–180.
- Kuo, M. S., et al. (1989).** Structure elucidation of ficellomycin. *J. Antibiot. (Tokyo)*. 42, 357–60.
- Li, S., et al. (2012).** Genome shuffling enhanced ϵ -poly-L-lysine production by improving glucose tolerance of *Streptomyces gramineus*. *Appl. Biochem. Biotechnol.* 166, 414–423.
- Li, W., et al. (2021).** Effects of amino acids and overexpression of *dapA* gene on the production of ϵ -poly-L-lysine by *Streptomyces diastatochromogenes* strains. *Curr. Microbiol.* 78, 2640–2647.
- Liras, P. (1999).** Biosynthesis and molecular genetics of cephamycins. Cephamycins produced by actinomycetes. *Antonie Van Leeuwenhoek*. 75, 109–24.
- Matsuda, K., et al. (2017).** Genome mining of amino group carrier protein-mediated machinery: discovery and biosynthetic characterization of a natural product with unique hydrazone unit. *ACS Chem. Biol.* 12, 124–131.
- Miao, V., et al. (2005).** Daptomycin biosynthesis in *Streptomyces roseosporus*: Cloning and analysis of the gene cluster and revision of peptide stereochemistry. *Microbiology (N Y)*. 151, 1507–1523.
- Oster, L. M., et al. (2006).** Insights into cephamycin biosynthesis: the crystal structure of CmcI from *Streptomyces clavuligerus*. *J. Mol. Biol.* 358, 546–58.
- Ouchi, T., et al. (2013).** Lysine and arginine biosyntheses mediated by a common carrier protein in *Sulfolobus*. *Nat. Chem. Biol.* 9, 277–83.
- Pickens, L. B., et al. (2010).** Oxytetracycline biosynthesis. *J. Biol. Chem.* 285, 27509–15.
- Ravanel, S., et al. (1998).** The specific features of methionine biosynthesis and metabolism in plants. *Proc. Natl. Acad. Sci. U. S. A.* 95, 7805–12.
- Rother, M., et al. (2010).** Selenocysteine, pyrrolysine, and the unique energy metabolism of methanogenic archaea. *Archaea*. 2010, 453642.
- Scherlach, K., et al. (2021).** Mining and unearthing hidden biosynthetic potential. *Nat. Commun.* 12, 3864.
- Shima, S., et al. (1977).** Polylysine produced by *Streptomyces*. *Agric. Biol. Chem.* 41, 1807–1809.
- Shima, S., et al. (1981-1).** Poly-L-lysine produced by *Streptomyces*. Part II. Taxonomy and fermentation studies. *Agric. Biol. Chem.* 45, 2497–2502.
- Shima, S., et al. (1981-2).** Poly-L-lysine produced by *Streptomyces*. Part III. Chemical studies. *Agric. Biol. Chem.* 45, 2503–2508.
- Shima, S., et al. (1982).** Inactivation of bacteriophages by ϵ -poly-L-lysine produced by *streptomyces*. *Agric. Biol. Chem.* 46, 1917–1919.
- Shima, S., et al. (1984).** Antimicrobial action of ϵ -poly-L-lysine. *J. Antibiot. (Tokyo)*. 37, 1449–1455.
- Shimizu, T., et al. (2016).** Crystal Structure of the LysY·LysW Complex from *Thermus thermophilus*. *J. Biol. Chem.* 291, 9948–59.
- Takeuchi, Y., et al. (2022).** First direct evidence for direct cell-membrane penetrations of polycationic

- homopoly(amino acid)s produced by bacteria. *Commun. Biol.* 5, 1132.
- van Wageningen, A. M., et al. (1998).** Sequencing and analysis of genes involved in the biosynthesis of a vancomycin group antibiotic. *Chem. Biol.* 5, 155–62.
- Wang, L., et al. (2019).** Efficiently activated ϵ -poly-L-lysine production by multiple antibiotic-resistance mutations and acidic pH shock optimization in *Streptomyces albulus*. *Microbiologyopen*. 8, e00728.
- Wang, A., et al. (2020).** Enhanced ϵ -poly-L-lysine production by the synergistic effect of ϵ -poly-L-lysine synthetase overexpression and citrate in *Streptomyces albulus*. *Front. Bioeng. Biotechnol.* 8, 288.
- Wang, L., et al. (2021).** ϵ -poly-L-lysine: recent advances in biomanufacturing and applications. *Front. Bioeng. Biotechnol.* 9, 1–21.
- Xu, Z., et al. (2016).** Recent advances in the biotechnological production of microbial poly(ϵ -L-lysine) and understanding of its biosynthetic mechanism. *Appl. Microbiol. Biotechnol.* 100, 6619–6630.
- Yamanaka, K., et al. (2008).** ϵ -poly-L-lysine dispersity is controlled by a highly unusual nonribosomal peptide synthetase. *Nat. Chem. Biol.* 4, 766–772.
- Yamanaka, K., et al. (2010).** Mechanism of ϵ -poly-L-lysine production and accumulation revealed by identification and analysis of an ϵ -poly-L-lysine-degrading enzyme. *Appl. Environ. Microbiol.* 76, 5669–5675.
- Yamanaka, K., et al. (2020).** Enhancement of metabolic flux toward ϵ -poly-L-lysine biosynthesis by targeted inactivation of concomitant polyene macrolide biosynthesis in *Streptomyces albulus*. *J. Biosci. Bioeng.* 129, 558–564.
- Yoshida, A., et al. (2015).** Structural insight into amino group-carrier protein-mediated lysine biosynthesis: crystal structure of the LysZ·LysW complex from *Thermus thermophilus*. *J. Biol. Chem.* 290, 435–47.
- Yoshida, A., et al. (2016).** Lysine biosynthesis of *Thermococcus kodakarensis* with the capacity to function as an ornithine biosynthetic system. *J. Biol. Chem.* 291, 21630–21643.
- Zhang, W., et al. (2007).** Investigation of early tailoring reactions in the oxytetracycline biosynthetic pathway. *J. Biol. Chem.* 282, 25717–25.
- Zhang, W., et al. (2008).** Identifying the minimal enzymes required for anhydrotetracycline biosynthesis. *J. Am. Chem. Soc.* 130, 6068–9.
- Zhao, Q., et al. (2008).** Characterization of the azinomycin B biosynthetic gene cluster revealing a different iterative type I polyketide synthase for naphthoate biosynthesis. *Chem. Biol.* 15, 693–705.
- Zhou, Y.-P., et al. (2015).** Enhancement of ϵ -poly-lysine production in ϵ -poly-lysine-tolerant *Streptomyces* sp. by genome shuffling. *Bioprocess Biosyst. Eng.* 38, 1705–13.
- Ziemert, N., et al. (2016).** The evolution of genome mining in microbes - a review. *Nat. Prod. Rep.* 33, 988–1005.

Announcement of the 2025 Annual Meeting of the Society for Actinomycetes Japan (SAJ)

Conference Chair: Dr. Shinya Kodani
(Faculty of Agriculture, Shizuoka University)

We are pleased to announce that the 2025 Annual Meeting of the Society for Actinomycetes Japan (SAJ) will be held at the Shizuoka Convention & Arts Center, *Granship*. Located along the historic Tokaido route, Shizuoka enjoys a mild climate and offers an ideal setting for welcoming all participants. The meeting will take place over three days, from **September 3rd (Wed) to 5th (Fri), 2025**. Presentations will be held on September 3rd and 4th, and on September 5th, we are planning a special lecture related to Shizuoka's sake culture and a soil sampling excursion to sites such as Kunozan. We, the organizing committee, look forward to welcoming many of you to Shizuoka.

Official Website: <https://actino.sakura.ne.jp/39th/about.html>

Overview

- **Dates:** September 3 (Wed) – 5 (Fri), 2025
- **Venue:** Shizuoka Convention & Arts Center “Granship”
(5-minute walk from JR Higashi-Shizuoka Station)
<https://www.granship.or.jp/>

Registration Fees

Category	By July 31	From August 1
Regular Member	¥12,000 JPY	¥14,000 JPY
Student	¥7,000 JPY	¥9,000 JPY
Non-member	¥15,000 JPY	¥17,000 JPY

Program Schedule

September 3 (Wed) 9:00–17:00: General Presentations, Special Lectures, Award Lectures, General Assembly, Award Ceremony
19:00–21:00: Banquet

September 4 (Thu) 9:00–17:00: General Presentations

September 5 (Fri) 9:00–16:00: Special Lecture & Soil Sampling Tour
(Dismissal at JR Shizuoka Station)

Banquet

- **Date & Time:** September 3 (Wed), 19:00–21:00
- **Venue:** Hotel Grand Hills Shizuoka, 5th Floor
<https://grandhillsshizuoka.jp/>

Banquet Fees

Category	By July 31	From August 1
Regular Member	¥10,000 JPY	¥12,000 JPY
Student	¥5,000 JPY	¥7,000 JPY
Non-member	¥13,000 JPY	¥15,000 JPY

Special Lectures

Dr. Jae-Hyuk Jang, Korea Research Institute of Bioscience and Biotechnology (KRIBB)
Dr. Wasu Pathom-aree, Faculty of Science, Chiang Mai University

Participation and Presentation Registration Guidelines

1. Please register for participation and presentation via the conference website:
<https://actino.sakura.ne.jp/39th/recruit.html>
Deadline for presentation registration and abstract submission: Friday, July 11, 2025, Deadline for advance conference registration: Thursday, July 31, 2025
2. Presenters must be members of the society. For membership procedures, please refer to the society's official website.
3. **Important Notes Regarding Presentation Registration**

- The format of each presentation (oral or poster) will be determined by the Organizing Committee based on the submitted abstract.
 - Due to a limited number of oral presentation slots, only one oral presentation will be accepted per research group.
4. Abstracts must be submitted using the template provided in the registration system.
 5. Details regarding presentation formats and other relevant information will be announced on the conference website:
<https://actino.sakura.ne.jp/39th/index.html>
 6. Presentation slides and posters must be prepared in English. Presentations may be delivered in either Japanese or English.

Contact Information

Secretariat of the 39th Annual Meeting of the Society for Actinomycetes Japan (2025)

E-mail: inquiry2025saj@googlegroups.com

Please access to ‘My Page’!

‘My Page’ for SAJ members is available on the web, where you can update your contact information, pay annual membership fees by credit card, and have free access to the SAJ's official journal, the Journal of Antibiotics. Please log in the page, confirm/update your registered information, and pay the annual membership fee every year. Below is a brief description of how to use ‘My Page’.

First login

1. Access the following URL (My Page).
<https://member.actino.jp/mypage/index.php>
2. Click "Create new password".
3. You will move to the ‘Password Issue’ page. Enter your membership number (10-digit number starting with 154)* and registered e-mail address**, and click ‘Issue’.
4. You will receive your password at your registered e-mail address.
5. Return to ‘My Page’, enter your ID (membership number) and the password, and click ‘Log in’.
6. You can change your password by ‘Change your password’ on the left banner.

* If you are not sure of your membership number, please contact us at service@actino.jp.

** If you are not sure of or cannot use the email address that has been registered to SAJ, please contact us at info@actino.jp.

Confirmation/update of your registration information

Click the banner ‘Confirm/update your registered information’ on the left, confirm the contact information, update it if needed, and click ‘Update’ at the bottom.

Payment of membership fee

1. Click the banner ‘Payment Status’ on the left.
2. This fiscal year's annual membership fee is displayed.
3. Click ‘Online payment’.
4. Select ‘credit card payment’ (or ‘convenience store payment’ if you live in Japan) and click ‘Payment’.
5. According the instructions on the GMO Epsilon’s page, enter your credit card number and expiration date, and click the icon to make the payment.

The annual membership fee is 5,000 yen for regular members and 3,000 yen for student members.

Free access to the SAJ's official journal, The Journal of Antibiotics

1. Click the banner 'Online Journal (JA)' on the left.
2. Click 'Get access'.
3. You will move to the page of The Journal of Antibiotics.
4. Contents are freely available if you have paid the annual membership fee every year. Members can find articles from links such as 'All Volume & Issues' and 'All Articles including Advance Online Publication'. Click 'Download PDF' of each article to read full contents or read it on the webpage.

Please refer to the user manual (PDF) on the login page of 'My Page' for details.

If you have any questions, please contact us at info@actino.jp.

Sincerely yours,

Secretariat of The Society for Actinomycetes Japan (SAJ)

Online access to The Journal of Antibiotics for SAJ members

Eligible members of SAJ can access to online issues of The Journal of Antibiotics (JA) *via* 'My Page'. The steps are described in the previous page titled "Please access to 'My Page'!".

Please note;

Your membership number and password for 'My Page' is only for yourself, a eligible member of SAJ. Members are not allowed to distribute them to the third person or third parties.

Depending on the network environment, there's a case where access to full contents is not permitted even though you try to access JA *via* 'My Page'. In such case, please contact the RBA Helpdesk in addition to us at info@actino.jp by email for alternative access method. When contacting, please provide your membership number and password for 'My Page', and specify name and version of your Internet browser.

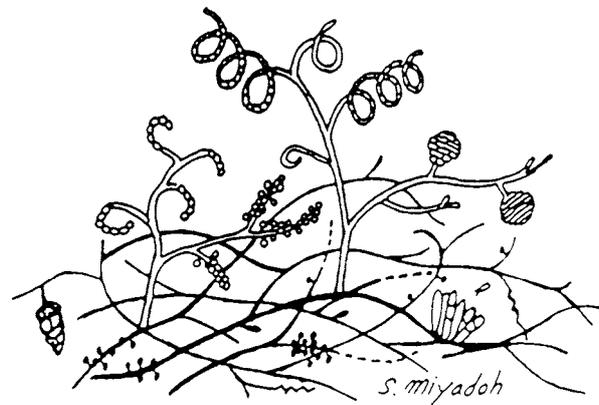
RBA helpdesk -The Journal of Antibiotics

E-mail: ja@natureasia.com

日本放線菌学会誌

会 報

第 39 卷 1 号



目 次

巻頭言	2
2024 年に正式発表された放線菌学名一覧について	4
2022 年度 日本放線菌学会大村賞受賞論文掲載のお知らせ	6
2024 年度 日本放線菌学会功績功労賞受賞者論文	7
2025 年度日本放線菌学会大会のご案内	20
2025 年度日本放線菌学会四賞授賞者の決定	22
5th International Conference on Natural Product Discovery and Development in the Genomic Era参加報告	23
報告 第 74 回日本放線菌学会学術講演会	25
報告 第 75 回日本放線菌学会学術講演会	31
日本放線菌学会賛助会員	38
著作権について	38

巻頭言

継承とその先

この3年間の日本放線菌学会大会、2022年度（福井県国際交流会館、濱野吉十大会長）、2023年度（東広島芸術文化ホール、荒川賢治大会長）、2024年度（一橋大学 一橋講堂、高橋俊二大会長）の参加者数や発表数はいずれも大盛会であったことを示している。ちなみに2024年度大会は参加者200名あまり、発表数は口頭発表、ポスター発表併せて121題とのことであった。質問が全くなかったらどうしようか、と老婆心ながら考えたりしていたが、そんな心配は無用であった。学生さんとおぼしき方や若い方々の熱気溢れる活発な討論に大いに刺激を受け感激した。これが放線菌のなせる技であり、放線菌学会の魅力である。

筆者も、その方々と同じ年齢の頃、具体的には1971年に、「境界微生物としての放線菌」（日本細菌学会主催）というシンポジウムで、「走査電顕による放線菌の形態」と題した浜田雅先生の講演を拝聴した。螺旋状の孢子連鎖、表面が平滑、棘状あるいは毛髪様の孢子、栄養菌糸に一個ずつ着生する孢子、孢子嚢など、その美しく神秘的な写真を、先生は壇上で軽やかに説明された。筆者は、この時以来、放線菌の虜になった。

2011年に日本放線菌学会25周年記念として刊行された「放線菌と生きる」（編集委員長、浜田雅）に、先生ご自身が「放線菌職人」と題して上記のことを詳しく述べられている。

この冊子刊行から14年が過ぎた。この度、学会理事会が日本放線菌学会40周年記念事業として「続 放線菌と生きる」の2025年刊行を英断された。

1952年の「放線菌の勉強会（無名の会）」発足から、学術団体としての放線菌学会設立（1985年）までの経過、その後の活動についての詳細が、「放線菌と生きる」で述べられている。読み返すたびに、たくさんの方の放線菌への熱い眼差しと本学会への強い思いに胸が熱くなる。

筆者は、今回の「続 放線菌と生きる」刊行のための出版特別委員会の一員としてお手伝いさせていただいている。

この間、学術的発展はもちろんのこと、多くの出来事があった。なかでも、2015年の大村智先生ノーベル生理学・医学賞受賞は特筆されることである。放線菌関連でのノーベル賞受賞は、1952年のワックスマン博士によるストレプトマイシンの発見以来二例目である。先生は、受賞記念講演会などで、「エバーメクチンは大地からの贈り物であり、微生物は無限の資源だ」「微生物から学ぶことがいっぱいある。微生物の研究は始まった

ばかりと思っている」とおっしゃっている。

今回の「続 放線菌と生きる」では、これまでの主な学会活動、および各専門分野の継承と深掘り、あまり表に出ることのない企業の経験などを含め、2011年版では取り上げられなかった内容を掲載予定である。

筆者は、多くの先生方から、「分離にしても分類にしても、全体をよく観察して議論しなさい」とアドバイスをいただき、事象を俯瞰することの大切さを学んできた。Web 検索で必要な情報が得られる今、冊子という媒体がその一助となり、放線菌の魅力に迫る研究がさらに飛躍することを祈念する。

本企画を浜田 雅先生もきっとお喜びになるに違いない。

2025 年 6 月 15 日

高橋洋子

(日本放線菌学会名誉会員、北里大学名誉教授)

2024年に正式発表された放線菌学名一覧について

日本放線菌学会の菌株基準委員会では、毎年 *Actinomycetologica* 第 1 号にて、前年中に *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology* (IJSEM) 誌上で正式発表された放線菌 (phylum *Actinomycetota* に含まれるもの) の学名を紹介しております。本年度も「List of new scientific names and nomenclatural changes in the phylum *Actinomycetota* validly published in 2024」として掲載したのでぜひご覧ください (S4~S36)。

2024 年は、1 亜目 (order)、3 科 (family)、10 属 (genus)、166 種 (species)、4 亜種 (subspecies) が新たに承認されました。また、再分類により 37 種が他の属に移行しました。これに伴う学名変更は new combination (移行の際に新しい種名が与えられた場合は new nomenclature) として掲載しています。2024 年は *Actinoplanes* 属が再分類により分割されて新属 *Paractinoplanes* 属、*Symbioplanes* 属、*Winogradskya* 属が提唱され、*Actinoplanes* 属に含まれる 27 種がこれらの新属へ移行したため、学名変更 (new combination) が例年に比べて多い結果となりました。なお、他属への移行などにより学名が変更になった場合、移行前の学名はバソニム (basonym、旧名) と呼びます。また、異なる学名として承認されていた分類群が一つの分類群としてまとめられた場合、まとめられたそれぞれの学名はシノニム (synonym、異名) と呼びます。例えば、*Streptomyces demainii* は *Streptomyces hygrosopicus* とシノニムの関係にあることが認められました。つまり、これらの 2 種は同種であり、学名としては古くに提唱された *S. hygrosopicus* が優先されます。Emendation とは、その分類群を定義している性状の「記載 (description)」が追記・修正されたことを意味します。

「List of new scientific names and nomenclatural changes in the phylum *Actinomycetota* validly published in 2024」では、以下の表の項目順に 2024 年に正式発表された放線菌の学名一覧を掲載しています。ページ節約のため、IJSEM や Ref など一般的な略語に加え、特殊な略語 (VL: Validation List 等) とそれらの番号表記による指定を行い、reference の短縮化を図っています。

表. 2020年から2024年に正式に発表された放線菌の分類群数

	発表された分類群数				
	2020年	2021年	2022年	2023年	2024年
New phylum	0	1	0	0	0
New class	1	0	0	0	0
New order	16	1	2	1	0
New suborder	0	0	0	0	1
New family	12	3	2	1	3
New genus	13	23	19	17	10
New species	211	196	178	209	166
New subspecies	3	0	1	3	4
New combination	7	14	4	16	37
New nomenclature	1	0	2	5	0
Emendation of class	0	0	1	0	0
Emendation of order	2	0	0	0	0
Emendation of suborder	0	0	0	0	1
Emendation of family	2	3	0	2	0
Emendation of genus	13	8	4	3	7
Emendation of species	22	30	4	8	6
Emendation of subspecies	0	0	0	1	0
Synonym	17	38	6	3	12
合計	320	317	223	269	247

令和7年6月 菌株基準委員会 委員長 浜田盛之（製品評価技術基盤機構）

受賞論文掲載のお知らせ

2022 年度 日本放線菌学会 大村賞受賞

尾仲 宏康 氏 (東京大学*) * 現・学習院大学

" Unlocking hidden bioactive compounds: from indolocarbazole and RiPP biosynthesis to the activation of cryptic secondary metabolism via microbial interactions "

(The University of Tokyo) Gakushuin University

Dr. Hiroyasu Onaka

J Antibiot (Tokyo). 2025 May 16.

未利用放線菌の分離とその分類研究
—その魅力と可能性—

松本 厚子*

公益財団法人微生物化学研究会微生物化学研究所
〒141-0021 東京都品川区上大崎 3-14-23

Isolation and taxonomic studies of untapped actinomycetes
-The attractiveness and potential-

Atsuko Matsumoto

Microbial Chemistry Research Foundation, Institute of Microbial Chemistry
3-14-23, Kamiosaki, Shinagawa-ku, Tokyo 141-0021

1. はじめに

新規生物活性物質の探索源としての放線菌の分離、培養、スクリーニングサンプル調製が仕事であった私は、多様で新しい機能を持つ放線菌、すなわちまだ分離されていない未利用放線菌の分離を目指すとともにその分類に力を注いだ。未分離放線菌を求めていくと、富栄養培地で数日培養すれば旺盛に生育し代謝産物生産も盛んな *Streptomyces* 属菌株と比べると、生育が不良で代謝産物量が少ない株にたどり着くことが多い。いわゆるこれら「希少放線菌」は環境中に多数存在しその分類学的多様性も認知されるようになった今、この呼称が正しいのか難しいが、ここでは敢えて「従来の分離培養法では得られる数が極めて少ない放線菌群」を「希少放線菌」と定義すると、これらの多くは分類群ごとにあるいは株ごとに適切な培養が必要であり、多数の菌株を画一的に培養し、その培養液を活性評価に使用するスクリーニングには向かない。これらをいかに資源として活用するかが大きな課題である。近年では培養することなくゲノム情報から生産物質の推定ができるものも増えてきたが、我々が知り得ない有用天然化合物を推定することは未だ困難が多い。機器分析技術の発展やデータベースの蓄積から従来のスクリーニングのように大量に培養し大量に生産させることなく構造を推定できるようになった。しかし、「培養できる微生物資源の取得」により多くの情報が得られ、遺伝資源としての価値は高まる。大量のスクリーニングサンプルを求められた時代の試行錯誤をここに記しておくことで、次世代への微生物利用のヒントにさせていただけたら幸いである。

* 前所属：学校法人北里研究所 北里生命科学研究所（現 大村智記念研究所）

2. 放線菌の分離

分離源が異なれば分離株の性質は異なる。そう信じて分離を続けてきた。生息環境が異なればなおさらである。砂漠の砂からさえも放線菌株が得られた¹⁾。落葉からは多くの「希少放線菌」が出現し²⁾、深海堆積物³⁾からは分離株数は少ないもののほとんどが「希少放線菌」であった。分離培地を変えるだけでも分離株が異なるのは周知のことだが、放線菌が water agar (1.5% agar, tap water) でも微弱ながら生育する生命力に驚き、それに 1% proline を加えただけの貧栄養培地を生育の遅い放線菌群の分離に長年利用してきた。以下に、分離源や分離法についての試行錯誤をいくつか紹介する。

1) 土壌団粒内からの分離⁴⁾

土壌には水に懸濁しても壊れにくい小さな“粒”、土壌団粒が存在する。Vargas R. & Hattori T.⁵⁾によると、団粒中には多くの間隙があり、約 100 μm 以下の小さな間隙は保水性があり微生物が存在するが原生動物は大きいので団粒内には入れない。すなわち、外とは異なった細菌叢が存在する可能性があると思定し、団粒の内外から別々に分離してみたいと考えた。ちょうどその時、強い殺菌作用を有する強酸性電解水 (available chlorine 57 mg/L, pH 2.5, ORP 1173 mV; Hoshizaki Electronic Co., Tokyo, Japan) を入手する機会を得たのでそれを利用することにした。土壌懸濁液をミキサーにかけても壊れない団粒のうち 160 μm - 990 μm のサイズを収集し、強酸性電解水に浸漬することで表面殺菌後、超音波により破碎、その破碎液から土壌団粒内の放線菌を団粒外と区別して分離した (図 1、A)。当時、新しいソースとなる可能性も踏まえスクリーニングの対象を“放線菌”から Gram-positive high G+C bacteria に広げようとした時期とも重なったので、境界とされていた *Mycobacterium* 属や *Micrococcus* 属までも含む *Actinobacteria* (現、phylum *Actinomycetota*) にも分離対象を広げることにした。当時は今ほど DNA シークエンスが手軽に解析できる時期ではなかったので、その識別には PCR を用いた。*Actinobacteria* は 23S rRNA 遺伝子の domain III 領域に約 100 bp の挿入部位があるので、それを含む領域を PCR により増幅することで他の Bacteria との簡易識別法を確立していた⁶⁾。本方法を用い土壌団粒内外の試料からの *Actinobacteria* 分離株を比較した結果、異なる菌が得られることを確認した。多くの分離株とスクリーニングサンプルが求められる時代で時間的困難から継続できなかったが、少しの工夫で分離株の多様性が増す良い例だと考えてい

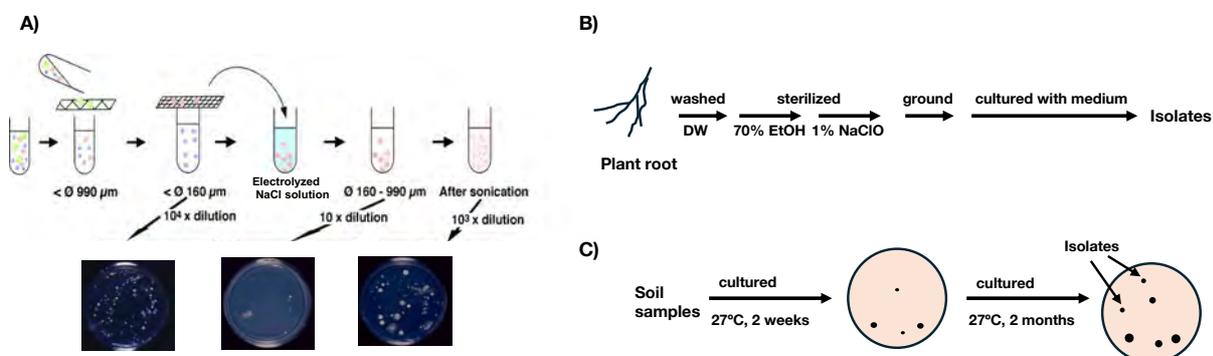


図 1 放線菌の分離

- A) 土壌団粒内からの分離
- B) 植物の根からの分離
- C) 長期培養による分離

る。

本方法で土壌団粒内より分離した *Rhodococcus jostii* K01-B0171 からは、抗結核菌活性を示し投げ縄構造を有する新規ペプチド Iariatrin が見出された⁷⁾。偶然がもたらした結果であるが、スクリーニングによる偶然の出会いを求めて多様性のあるサンプルを大量に実施するからこそ発見につながってきた。

2) 植物の根からの分離⁸⁾

一般的な方法で土壌から放線菌を分離すると 90%以上が *Streptomyces* 属である。それゆえそれ以外を「希少放線菌」と呼んできた。分離源を植物の根にすることで「希少放線菌」の分離を期待していたが結果は想定を遥かに上回った。図 2 に示したように多数の「希少放線菌」が *Streptomyces* を上回り分離され、わずか 16 試料から広い分類群の菌株が分離された。分離方法は次のとおりである。採取した根を洗浄し、70%エタノール 1 分、1%次亜塩素酸ナトリウム 1 分の順で表面殺菌後、その根のすりつぶし液を分離用寒天培地に加え、27°Cで 2 ヶ月以上培養する (図 1、B)。団粒内分離と同様、植物内から選択的に分離する試みである。ここで、2 ヶ月の培養を可能にした要因として以下の 4 点が挙げられる。①寒天培地と分離サンプルを混釈したことによりコロニーの生育が制御された。②1% proline 添加 water agar を中心に極めて貧栄養の分離培地を使用した。③*Streptomyces* のような生育旺盛な菌が少なかった。④試料中での菌数が少ないため出現コロニー数が抑えられた。①②については土壌サンプルでも同様のことが言えるが③については、表面殺菌により *Streptomyces* 属放線菌が減少したとも考えられる。④は結果論であるが、土壌から放線菌を分離する際には土壌 1 g あたり $10^6\sim 10^8$ コロニーの出現を想定して 1 枚の寒天プレートに 100 コロニー以下の出現数になるように調整する。しかし、植物サンプルでは同濃度にしようとする根の成分が高濃

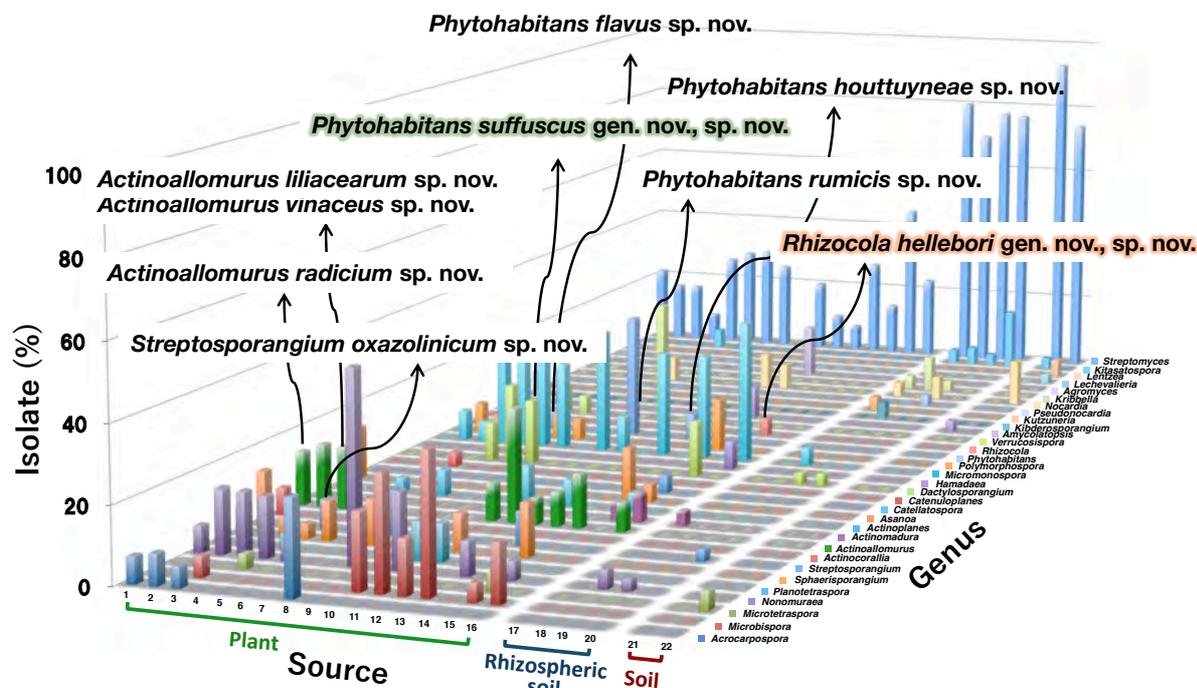


図 2 植物の根および土壌から分離される放線菌の属の割合

度で持ち込まれるため薄い濃度で分離を実施したことが幸いしたのではないかと考えている。長期培養については後述するが、土壌では2ヶ月培養するために試料を通常より100倍くらい希釈して分離する。このとき、2週間での分離株とは異なった菌株が得られることは珍しくなく、菌密度の低さが幸いしたのかもしれない。本方法により *Phytohabitans* 属⁹⁾、*Rhizocola* 属¹⁰⁾、*Actinorhabdospora* 属¹¹⁾および *Rhizohabitans* 属¹²⁾の4新属(図3、A-D)をはじめ多数の新種の発見に至った。

さて、これらの放線菌は生きた植物中で一体何のためにどのようにして生息し何をしているのだろうか。植物と共生関係にあるのか、土壌に存在する膨大な数の天敵や危険から逃れた結果なのか、その答えの糸口にすら辿り着けず終わってしまった。一方、分離株は化合物ベースの探索、physicochemical screening に活用され、*Actinoallomurus fulvus* MK10-036 から12員環マクロライド actinoallolides¹³⁾、*Allostreptomyces* sp. K12-0794 から22員環マクロライドである hamuramicins¹⁴⁾、*Polymorphospora rubra* K07-0510 からトレハロース1分子とアンジェリカ酸2分子からなる trehangelins¹⁵⁾、*Streptosporangium oxazolinicum* K07-0460^T からオキサゾール・チアゾール含有の抗生物質である spoxazomicins¹⁶⁾などの新規物質の発見につながった。これらはいずれも、通常の生物活性を指標としたスクリーニングで見つかったものではない。生育が遅く代謝産物の生産量も少ない「希少放線菌」を、個々の菌株に適した方法で大量に培養し、化合物を単離後、活性が見出されたものである。HTS (High Throughput Screening) とは異なる新しい放線菌の活用法に気付かされ、微生物ライブラリーの重要性を再認識するきっかけとなった。

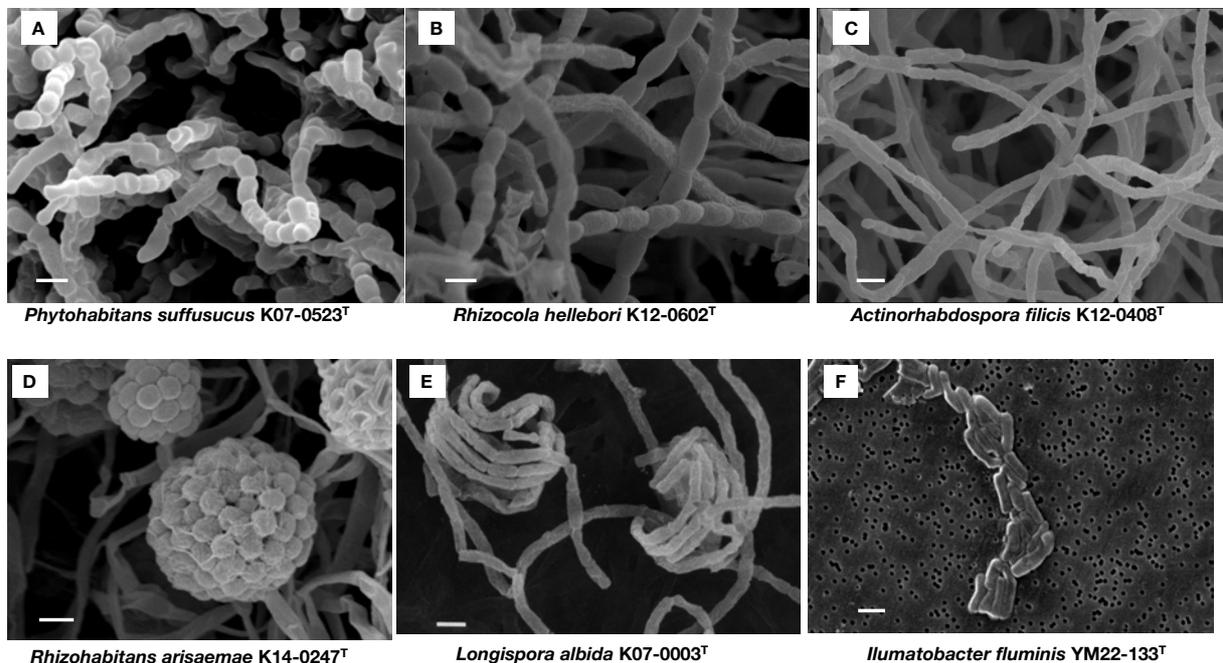


図3 放線菌の走査型電子顕微鏡写真

3) 長期培養による分離

Janssen P. H.らは土壌試料からのバクテリアの分離において、分離プレート上のコロニー数を12週まで観察し増え続けることを報告した¹⁷⁾。そこで、新たな放線菌を取得すべく、生育

が遅い放線菌の分離を試みた。一般に、2週間で1プレートあたり数十コロニーが出現する濃度に調整して分離プレートを作製するが、それでは生育の遅い菌の出現を妨げるため、2週間の培養で1プレートに5コロニー以下になるように分離プレートを作製し、2週間培養以降に出現してくるコロニーのみを2ヶ月後に分離した(図1、C)。確かに2週間では見られなかったコロニーが出現してくる。これらの中から新種 *Actinocatenispora sera* KV-744^T を得た¹⁸⁾。種名の "sera" とは「遅い」を意味するラテン語に由来する。実は本菌は新属とすべく進めていたが、残念なことに一步遅れを取り *Actinocatenispora* 属の新種の報告に甘んじた。菌株の生育が遅いことに加え、私の研究が遅かった痛恨の新種であった。しかし、本菌は名のおり通常の培養における生育は遅いが、継代を繰り返すことで2ヶ月を要することはなく増殖する。生育が旺盛な *Streptomyces* 等の株の影響を抑えたことで生育が可能になったのか、あるいは本株の馴化が早いのかは計り知れないが、このような性状は多くの分離株に当てはまった。未利用放線菌を得る一つの手段として長期培養法には大きな可能性がある。放線菌分離には1~2週間培養するのが一般的だが、もっと時間を要するものも存在するのは間違いない。時間軸の概念を変えることが新しい放線菌へとつながる。

4) *Patulibacter* 近縁菌の選択分離¹⁹⁾

培地から発生する活性酸素種の除去により見出された新属 *Patulibacter minatonensis* KV-614^T は新科 *Patulibacteraceae* として承認され²⁰⁾、現在でも1属5種が知られているに過ぎず、いわゆる“放線菌”ではなく *phylum Actinomycetota* 中の未開拓な分類群である。*Patulibacter* 属を含む *Solirubrobacterales* 目もまた7科8属から構成されるが、正式に承認されているのはわずか22種である。そこで、この希少な *Solirubrobacterales* 目菌株の分離を目指した。その分離戦略として①分離源の選択 ②分離プレートの選択 ③分離コロニーの選

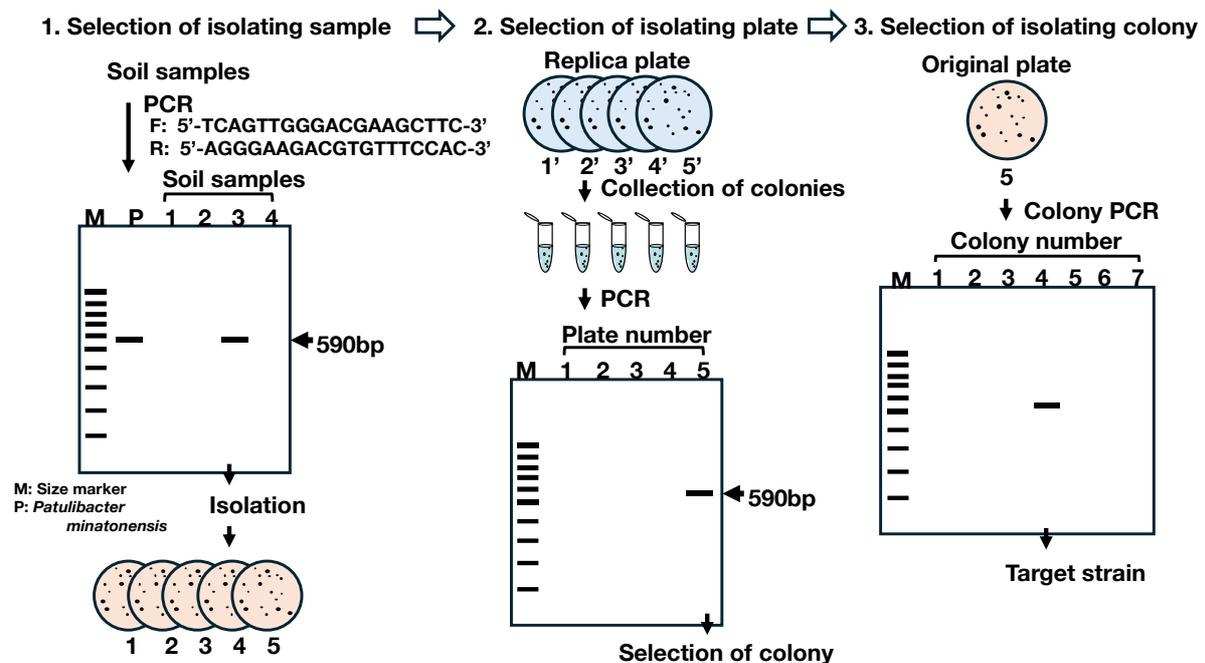


図4 *Solirubrobacterales* 目菌株の選択分離

択 の 3 ステップで効率的に分離することを考えた (図 4)。

2000 年台の初頭、我々にとってまだメタゲノム解析が容易ではなかったので、希少な菌株を分離するための試料の選択に、*Solirubrobacterales* 目の 16S rRNA 遺伝子配列に基づく特異プライマー (F: 5'-TCAGTTGGGACGAAGCTTC-3', R: 5'-AGGGAAGACGTGTTCCAC-3') を用い、まずは分離源となる土壌の選択を試みた。本方法により、土壌からの抽出 DNA を用いた PCR で約 70%の土壌中に目的の菌群の存在が示唆された。極めて希少な菌と認識していたのでこの数値は当初は信じられず、疑心暗鬼ながら存在が示唆された土壌からの分離を試みることにした。分離条件に依存して出現コロニーは異なる上、コロニー形成能を有するか否か、どのくらいの頻度で出現するか全く予想できなかったため、次に、分離プレート上でのコロニーの形成の有無を PCR にて確認した。すなわち適当数のコロニーが出現したプレートのレプリカプレートを同一培地で作製し、コロニーを生育させた後、そのコロニーを収集、PCR にて *Solirubrobacterales* 目菌株がプレート上で増殖しているかを確認した。存在が確認できたプレートのオリジナルプレートの全コロニーを PCR し、目的とする菌株の取得に成功した。この分離株は *Solirubrobacterales* 目 *Conexibacter* 属の 2 種目の *Conexibacter arvalis* KV-962^T として承認された²¹⁾。現在も本属は 3 種しか知られておらず、地道な作業が功を奏した結果であり、担当してくれた学生には頭が下がる。未開拓であるが培養可能で利用可能な菌群はまだ多く残されている。(種数は 2025 年 2 月現在)

3. 分類研究

1) 細胞壁の構造解析

培養できる分離株を取得すればその分類学的位置を明らかにしていく。従来はスクリーニングでヒットした株について実施していたが、近年は、16S rRNA 遺伝子配列から新規性がすぐに推測できるので新規性が高い菌株を取得すればその分類に取り掛かった。記載を正しく行い蓄積することで将来の活用にも備えられる。その結果、幸運にも多数の新属提唱に関わることができた。放線菌の属レベルの分類に用いられる表現形質には、気菌糸の有無、孢子鎖の形状や連鎖数、孢子嚢の有無、孢子の運動性の有無などに加え、私がこの分野に足を踏み入れた頃は細胞壁中のジアミノ酸が *Streptomyces* 属では LL-DAP を、多くの希少放線菌は meso-DAP を有するので、生産菌の同定はほとんどの場合ジアミノ酸の同定だけでした。しかし、多くの「希少放線菌」が提唱される時代に突入すると、細胞組成分析による化学分類のデータ蓄積が進み、脂質ではイソプレノイドキノン、リン脂質、脂肪酸が、細胞壁ではペプチドグリカンに含まれるアミノ酸種やムラミン酸のアシル基のタイプ、また菌体中に含まれる糖組成が分類に用いられた。遺伝子解析では、GC 含量、16S rRNA 遺伝子に基づく系統解析、さらに種の同定には近縁株との DNA-DNA ハイブリダイゼーションが用いられた。今では系統解析も DNA の相同性もゲノムデータから算出されるようになったが、当時は、ガラス棒で巻き取る量の精製 DNA が必要とされる DNA-DNA ハイブリダイゼーションには悩まされた。

Micromonosporaceae 科放線菌では、先にあげた植物から分離した 4 属の内 *Actinorhabdospora* 属を除く *Phytohabitans* 属、*Rhizocola* 属、*Rhizohabiatns* 属の 3 属、さらに

Longispora 属²²⁾ (図 3, E) の提唱に携わっていた。その過程で分類指標が少なく遺伝情報に偏重していると実感し、表現型の一つの指標となることを目指し、細胞壁ペプチドグリカンのアミノ酸配列解析に取り組んだ。グラム陽性細菌の細胞壁ペプチドグリカンは、グリカン鎖とペプチド鎖により編み目構造を形成し、構成アミノ酸にはジアミノ酸が含まれ、このジアミノ酸の種類が放線菌分類の重要な指標である。さらにその他のアミノ酸種が分類指標として用いられることもあるが、その構造はアミノ酸組成のモル比から推定されていた。そこで、放線菌のペプチドグリカン構造を確定することで表現型に違いが見出せないだろうか。と *Micromonosporaceae* 科に属する *Micromonospora*, *Catenuloplanes* および *Couchioplanes* 属株を例に取り解析に取り掛かった。細胞壁ペプチドグリカンを精製し、6M HCl, 100°C で完全加水分解後、アミノ酸組成比を算出すると同時に、4M HCl, 60°C で部分加水分解物を得て、FDLA または PMP によるラベル後、LC/MS 解析により、ジペプチド、トリペプチド、テトラペプチドおよび糖との結合を確認し構造解析を行なった。その結果はアミノ酸組成からの推定通りの構造であったが、いかなる構造のペプチドグリカンにも応用できることから細菌のペプチドグリカンの解析法が確立でき、将来、多様で新しい細菌の発見に伴う分類に活用できると考えている²³⁾。

細菌の分類は domain (ドメイン)、phylum (門)、class (綱)、order (目)、family (科)、genus (属)、species (種) の分類階級に分けられるが、近年、ゲノムに基づく系統解析が基本となり高次分類の論文も多数発表されている。Domain *Bacteria* は再分類され、class *Actinobacteria* と呼んだ放線菌を含む大きなグループは2021年、正式に phylum *Actinomycetota* となった²⁴⁾。ゲノムから得られる情報は膨大であるが、表現型からはゲノムとは異なる有用な情報が得られると信じている。

2) 新属 *Ilumatobacter* の提唱

海洋バイオテクノロジー研究所 (MBI、1988 年設立、現・北里大学海洋バイオテクノロジー釜石研究所) の微生物コレクションの中から分類同定で共同研究することになり、class *Actinobacteria* (現 phylum *Actinomycetota*) に属するものの放線菌とは遠く、むしろ前出の *Patulibacter* 属に近く、近縁属が見当たらない株に興味を持ちお引き受けした。2006 年ごろだったと思うが安易に引き受けたもの的大変だと気づいたのは培養を開始してからであった。16S rRNA 遺伝子に基づく系統では明らかに新属、あるいは新科クラスであるので、定法に従い化学分類や形態、生理性状などの表現型データの蓄積をすれば良いのだが、培養が難しい。それも培養性状の一つであるのでそれはそれで良い。しかし、化学分類には相応の菌体量が必要となる。対象とした 3 株のうち最も生育が良好な 1 株で新属新種 *Ilumatobacter fluminis* (図 3, F) の提唱にたどり着いたのは 2009 年になっていた²⁵⁾。残る 2 株も同属 2 新種とすべく進めたが 2 株とも生育最適温度が 20-23°C と低く、生育不良で良好な培養条件が見出せず菌体収集が難航した。結局、1 株は寒天平板約 200~300 枚を 6 週間培養しコロニーを集めたことと記憶している。ようやく、論文投稿すると、エディターから「DNA-DNA ハイブリダイゼーションによる相同性を出すように」とのコメントが返ってきた。種の同定には DNA-DNA 相同値が 70% 以上との基準があり、その基準を満たす種がないことが新種の条件の一つとな

る。また、16S rRNA 遺伝子のデータベースが充実する中、その相同値 98.7%もまた、同等の基準として使用されるようになっていたが²⁶⁾、2010年にその基準を97%に下げべきとの報告も出ていた²⁷⁾。問題の2株は先行して発表した1属1種 *I. fluminis* YM22-133^T との16S rRNA 遺伝子の総同性は95.6% および95.5% と十分に低かったが、2新種を提唱しようとするとその2株間の相同値は97.7% であり97% を上回った。本来ならすぐにDNA-DNA ハイブリダイゼーションを実施すれば済むのだが、当時はまだウェットで実施する時代、実施するとなると大量の菌体が必要になるため、あえて98.7%の基準を引用して強引に論文投稿に踏み切っていた。エディターのコメントはもったもであった。しかし、コメントには続きがあった。「あるいはゲノム配列を用いて解析するように。」実はこれらの株は既に、独立行政法人製品評価技術基盤機構バイオテクノロジーセンター (NBRC) によってゲノム解析が完了していたが、少なくとも放線菌でゲノムデータに基づくハイブリダイゼーションを用いた論文は見たことがなかった。しかし、エディターからのコメントだからとNBRCの市川夏子博士、藤田信之博士にお願いすると快諾いただき、すぐにANI (Average Nucleotide Identity) とMUMi (Maximal Unique Matches index) の結果を加え、共著に入っていた上で投稿、受理された²⁸⁾。今ではゲノム配列に基づく比較が主流となったが、当時は少なくとも phylum *Actinomycetota* での報告は初めてであったと記憶している。本属の承認種はこの3種で構成されており(2025年2月現在)、希少な分離株が正しく分類され寄託機関に保存されたと自負している。

4. 16S rRNA 遺伝子を用いた環境サンプルの細菌叢解析

分離培養できない微生物種は99%以上と言われて久しい。未利用放線菌の探索を行う中で放線菌についていざばどうなのか、との疑問に対する回答を求めて、土壌から放線菌を分離すると同時に同一サンプルについて、近年容易になった細菌叢解析(16S rRNA 遺伝子、V1-V2領域)を実施した。2土壌に占める phylum *Actinomycetota* の割合は約60% および45%、phylum *Actinomycetota* に占める *Streptomyces* 属はわずか約3.3% および0.7%で、属名が決められないものも多数あった。この2サンプルからは同時に分離株を得たが、それぞれ

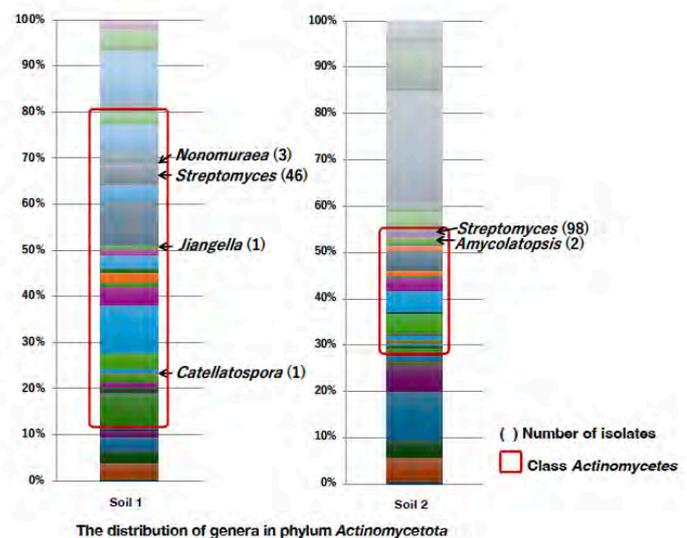


図5 土壌の細菌叢と分離株

Streptomyces が51株中46株(90.2%) および100株中98株(98.0%)と、分離株としては一般的な数値を示した(図5)²⁹⁾。わずか2サンプルの解析例であり、遺伝子解析の対象部位が16S rRNA 遺伝子のV1-V2領域(約300bp)であるため証明に値しないが、分離できていない“放線菌”もしくは phylum *Actinomycetota* に属する菌が多数存在し、現在の分離法が

Streptomyces 属に適しているに過ぎないことを数字が示しており、培養法の重要性を実感している。

5. おわりに

細菌メタゲノム解析はヒトが手にしている細菌がいかにわずかであるかという事実を突きつける。希少と考えていた *Solirubrobacterales* 目菌株は環境中に広く存在することがわかり、*Streptomyces* 属は放線菌の中で多数派ではないことを知った。それでも *Streptomyces* 属以外の放線菌を「希少放線菌」と呼んで良いのだろうか。二次代謝産物の新たな探索源として「希少放線菌」の分離に力を注いできたが、細菌叢解析の結果は、ヒトが分離培養して活用できているのはわずかであることを示している。しかし、私が新規生物活性物質の探索源としての放線菌の分離に携わり始めた頃とは状況が変わってきた。分析機器の進歩、それに伴うデータの蓄積、遺伝子情報の利用、そして近年では AI が参入してきた。大量に培養して化合物を単離精製して構造を決定する時間と労力が短縮され、生合成遺伝子から必要とされる化合物を生産させることも可能となってきた。しかし、“培養できる”ことはやはり重要である。一方で、従来のように大量の菌を画一的に培養してスクリーニングする方法は変えていかなければいけない。培養法を個々に変えて対応するのは難しいが、今までと違って、少量の培養液で化合物の同定ができ、ターゲット化合物が決まればゲノム情報から異種発現させることも不可能ではなくなった。単離した新しい微生物の活用法が変わっていく。今までにない活用法を見出すためには少しでも培養してその機能を知ることができれば多くの情報が得られる。

未利用な放線菌を新規生物活性物質の探索源に利用するために、様々な分離源や分離法を試み、培養に時間を要する株に多く出会ってきた。一般に、*Streptomyces* 属放線菌は3日も培養すれば旺盛な生育を示す。培養条件にもよるが、「希少放線菌」の中で多くの生産物質で知られる *Nocardia* 属放線菌はそれより2-3倍時間がかかることが多い。一方、細菌の代表格の *E. coli* が一晩で良好に増殖することを考えれば *Streptomyces* 属放線菌の培養でもその何倍もの時間を要することになる。海洋研究開発機構 (JAMSTEC) は、深海堆積物からバイオリクターを複数年連続稼働してアーキア *Prometheoarchaeum syntrophicum* MK-D1 の分離に成功し、新 kingdom が承認された^{30,31)}。私がこの事実を知った時の衝撃は大きい。アーキアであるので細菌と比較することが正しいかどうかは別に、本株の細胞の倍加時間は約14~25日であった。未培養の菌を培養するということに対する思考を変えなければ新しいものは得られない。近年、未培養のままゲノム配列が決定され、SeqCodeによる分類体系が提案されている³²⁾。細菌分類学に単離、培養が必須かどうかは難しい議論である。しかし、未培養の細菌を分離、培養し、培養で得た知見とともに正しく保存することは、将来の遺伝資源活用に大変重要である。

6. 謝辞

本研究はすべて北里研究所で行われたものであり、その機会を与えていただきました大村智北里大学特別荣誉教授に深く感謝申し上げます。また、一からご指導いただきました高橋洋

子北里大学名誉教授には、常に新しいことに向かう姿勢を身をもってご教授いただきました。改めて厚く感謝申し上げます。本研究成果は新規生物活性物質の探索の一環であり、岩井譲先生、供田洋先生、塩見和朗先生はじめ北里研究所天然物創薬グループのみなさまにお礼申し上げますとともに、一喜一憂しながら共に取り組んだ仲間や学生諸氏なくしては成し遂げられなかった結果であることを申し添えます。

放線菌学会では、大会で発表すると多くの先生方からお声がけいただき、みなさんに育てていただきました。また、2000年に故浜田雅先生を中心に立ち上がった「放線菌ソースを考える会」では、産官学の垣根を越えて新規有用化合物の探索源としての放線菌探索の担当者が集う今も続く会があります。そこに参加できたことで大いなる刺激を与えていただきました。多くの学会関係者の皆様にお礼申し上げます。

参考文献

- 1) Takahashi Y., Matsumoto A., Seino A., Iwai Y. and Ōmura S. Rare actinomycetes isolated from desert soils. *Actinomycetol.* 10, 91-97. 1996.
- 2) Matsumoto A., Takahashi Y., Mochizuki M., Seino A., Iwai Y. and Ōmura S. Characterization of actinomycetes isolated from fallen leaves. *Actinomycetol.* 12, 46-48. 1998.
- 3) Intra B., Panbangred W., Inahashi Y., Také A., Mori M., Ōmura S. and Matsumoto A. *Micromonospora pelagivivens* sp. nov., a new species of the genus *Micromonospora* isolated from deep-sea sediment in Japan. *Int. J. Syst. Evol. Microbiol.* 70, 3069-3075. 2020.
- 4) Matsumoto A., Takahashi Y., Iwai Y. and Ōmura S. Isolation of Gram-positive bacteria with high G+C from inside soil aggregates. *Actinomycetol.* 20, 30-34. 2006.
- 5) Vargas R. and Hattori T. The distribution of protozoa within soil aggregates. *J. Gen. Appl. Microbiol.* 37, 515-518. 1991.
- 6) Yu L., Takahashi Y., Matsumoto A., Seino A., Iwai Y. and Ōmura S. Application of PCR for selection of Gram-positive bacteria with high DNA G+C content among new isolates. *Actinomycetol.* 16, 1-5. 2002.
- 7) Iwatsuki M., Uchida R., Takakusagi Y., Matsumoto A., Jiang C., Takahashi Y., Arai M., Kobayashi S., Matsumoto M., Inokoshi J., Tomoda H. and Ōmura S. Lariatins, novel anti-mycobacterial peptides with a lasso structure, produced by *Rhodococcus jostii* K01-B0171. *J. Antibiot.* 60, 357-363. 2007.
- 8) Matsumoto A. and Takahashi Y. Endophytic actinomycetes: promising source of novel bioactive compounds. *J. Antibiot.* 70, 514-519. 2017.
- 9) Inahashi Y., Matsumoto A., Danbara H., Ōmura S. and Takahashi Y. *Phytohabitans suffuscus* gen. nov., sp. nov., a novel actinomycete of the family *Micromonosporaceae* isolated from a plant root. *Int. J. Syst. Evol. Microbiol.* 60, 2652-2658. 2010.
- 10) Matsumoto A., Kawaguchi Y., Nakashima T., Iwatsuki M., Ōmura S. and Takahashi Y. *Rhizocola hellebori* gen. nov., sp. nov., a novel actinomycete of the family *Micromonosporaceae* containing 3,4-dihydroxydiaminopimelic acid in the cell-wall peptidoglycan. *Int. J. Syst. Evol. Microbiol.* 64, 2706-2711. 2014.

- 11) Mingma R., Tanaka K., Ōmura S., Takahashi Y. and Matsumoto A. *Actinorhabdospora filicis* gen. nov., sp. nov., a new member of the family *Micromonosporaceae*. *Int. J. Syst. Evol. Microbiol.* 66, 3071-3077. 2016.
- 12) Yamada Y., Inahashi Y., Goda Y., Také A. and Matsumoto A. *Rhizohabitans arisaemae* gen. nov., sp. nov., a novel actinomycete of the family *Streptosporangiaceae*. *Int. J. Syst. Evol. Microbiol.* 73, DOI 10.1099/ijsem.0.005803. 2023.
- 13) Inahashi Y., Iwatsuki M., Ishiyama A., Matsumoto A., Hirose T., Oshita J., Sunazuka T., Panbangred W., Takahashi Y., Kaiser M., Otoguro K. and Ōmura S. Actinoallolides A-E, new anti-trypanosomal macrolides, produced by an endophytic actinomycete, *Actinoallomurus fulvus* MK10-036. *Org. Lett.* 17, 864–867. 2015.
- 14) Suga T., Kimura T., Inahashi, Y., Iwatsuki M., Nonaka K., Také A., Matsumoto A., Takahashi Y., Ōmura S. and Nakashima T. Hamuramicins A and B, 22-membered macrolides, produced by an endophytic actinomycete *Allostreptomyces* sp. K12-0794. *J. Antibiot.* 71, 619-625. 2018.
- 15) Nakashima T., Okuyama R., Kamiya Y., Matsumoto A., Iwatsuki M., Inahashi Y., Yamaji K., Takahashi Y. and Ōmura S. Trehangelins A, B and C, novel photo-oxidative hemolysis inhibitors produced by an endophytic actinomycete, *Polymorphospora rubra* K07-0510. *J. Antibiot.* 66, 311–317. 2013.
- 16) Inahashi Y., Iwatsuki M., Ishiyama A., Namatame M., Nishihara-Tsukashima A., Matsumoto A., Hirose T., Sunazuka T., Yamada H., Otoguro K., Takahashi Y., Ōmura S. and Shiomi K. Spoxazomicins A–C, novel antitrypanosomal alkaloids produced by an endophytic actinomycete, *Streptosporangium oxazolinicum* K07-0460^T. *J. Antibiot.* 64, 303–307. 2011.
- 17) Janssen P. H., Yates P. S., Grinton B. E., Taylor P. M. and Sait M. Improved culturability of soil bacteria and isolation in pure culture of novel members of the divisions *Acidobacteria*, *Actinobacteria*, *Proteobacteria*, and *Verrucomicrobia*. *Appl. Environ. Microbiol.* 68, 2391-2396. 2002.
- 18) Matsumoto A., Takahashi Y., Fukumoto M. and Ōmura S. *Actinocatenispora sera* sp. nov., isolated by long-term culturing. *Int. J. Syst. Evol. Microbiol.* 57, 2651-2654. 2007.
- 19) Seki T., Matsumoto A., Ōmura S. and Takahashi Y. Distribution and isolation of strains belonging to the order *Solirubrobacterales*. *J. Antibiot.* 68, 763-766. 2015.
- 20) Takahashi Y., Matsumoto A., Morisaki K. and Ōmura S. *Patulibacter minatonensis* gen. nov., sp. nov., a novel actinobacterium isolated using an agar medium supplemented with superoxide dismutase, and proposal of *Patulibacteraceae* fam. nov. *Int. J. Syst. Evol. Microbiol.* 56, 401-406. 2006.
- 21) Seki T., Matsumoto A., Shimada R., Inahashi Y., Ōmura S. and Takahashi Y. *Conexibacter arvalis* sp. nov., isolated from a cultivated field soil sample. *Int. J. Syst. Evol. Microbiol.* 62, 2400-2404. 2012.
- 22) Matsumoto A., Takahashi Y., Shinose M., Seino A., Iwai Y. and Ōmura S. *Longispora albida* gen. nov., sp. nov., a novel genus of the family *Micromonosporaceae*. *Int. J. Syst. Evol. Microbiol.* 53, 1553-1559. 2003.

- 23) Také A., Nakashima T., Inahashi Y., Shiomi K., Takahashi Y., Ōmura S and Matsumoto A. Analyses of the cell-wall peptidoglycan structures in three genera *Micromonospora*, *Catenuloplanes*, and *Couchioplanes* belonging to the family *Micromonosporaceae* by derivatization with FDLA and PMP using LC/MS. *J. Gen. Appl. Microbiol.* 62,. 199–205. 2016.
- 24) Oren A, and Garrity GM. Valid publication of the names of forty-two phyla of prokaryotes. *Int J Syst Evol Microbiol* 71, 5056. 2021.
- 25) Matsumoto A., Kasai H., Matsuo Y., Ōmura S., Shizuri Y. and Takahashi Y. *Ilumatobacter fluminis* gen. nov., sp. nov., a novel actinobacterium isolated from the sediment of an estuary. *J. Gen. Appl. Microbiol.* 55, 201-205. 2009.
- 26) Stackebrandt E. and Ebers J. Taxonomic parameters revised: tarnished gold standards. *Microbiology Today* 33, 152–155. 2006.
- 27) Tindall B. J., Rosselló-Móra R., Busse H.-J., Ludwig W. and Kämpfer P. Notes on the characterization of prokaryote strains for taxonomic purposes. *Int. J. Syst. Evol. Microbiol.* 60, 249–266. 2010.
- 28) Matsumoto A., Kasai H., Matsuo Y., Shizuri Y., Ichikawa N., Fujita N., Ōmura S. and Takahashi Y. *Ilumatobacter nonamiense* sp. nov. and *Ilumatobacter coccineum* sp. nov., isolated from seashore sand. *Int. J. Syst. Evol. Microbiol.* 63, 3404-3408. 2013.
- 29) 松本厚子. 土壤環境をモデルにした培養基による難培養放線菌の分離法の開発と微生物資源の獲得. *IFO Research Communications.* 33, 190. 2019.
- 30) Imachi, H. *et al.* Isolation of an archaeon at the prokaryote-eukaryote interface. *Nature.* 577, 519-525. 2020.
- 31) Imachi H. *et al.* *Promethearchaeum syntrophicum* gen. nov., sp. nov., an anaerobic, obligately syntrophic archaeon, the first isolate of the lineage ‘Asgard’ archaea, and proposal of the new archaeal phylum *Promethearchaeota* phyl. nov. and kingdom *Promethearchaeati* regn. nov. *Int. J. Syst. Evol. Microbiol.* 74, DOI 10.1099/ijsem.0.006435. 2024.
- 32) Helund B. *et al.* SeqCode: a nomenclatural code for prokaryotes described from sequence data. *Nature Microbiology.* 7, 1702-1708. 2022.

2024 年度日本放線菌学会功績功労賞受賞
松本厚子 博士

公益財団法人微生物化学研究会微生物化学研究所
元・学校法人北里研究所北里生命科学研究所（現・大村智記念研究所）

「未利用放線菌の分離とその分類研究および学会への貢献」



Dr. Atsuko Matsumoto

Institute of Microbial Chemistry, Microbial Chemistry Research Foundation,
(Former affiliation: Kitasato University, The Kitasato Institute)

Isolation and taxonomic studies of untapped actinomycetes and contributions to the
society

2025 年度日本放線菌学会大会のご案内

大会長 小谷 真也
(静岡大学農学部)

2025 年度日本放線菌学会大会は、静岡県コンベンションアーツセンター・グランシップで開催することになりました。静岡は東海道に位置し、気候も温暖で、皆様をお迎えするのにふさわしい街であると自負しております。2025 年度大会は 9 月 3 日から 9 月 5 日の 3 日間の開催となります。講演などの発表は 9 月 3 日-9 月 4 日の二日間で行い、9 月 5 日には、静岡のお酒にまつわる特別講演と久能山などを回る土壌採取会を予定しております。大会実行委員一同、多くの皆様のご参加を心よりお待ちしております。
静岡大会ウェブサイト(<https://actino.sakura.ne.jp/39th/about.html>)

概 要

会期：2025 年 9 月 3 日（水）- 5 日（金）

会場：静岡県コンベンションアーツセンター・グランシップ (<https://www.granship.or.jp/>)

JR 東静岡駅 徒歩 5 分

参加費（講演要旨集代を含む）

	7 月 31 日まで	8 月 1 日以降
正会員：	12,000 円	14,000 円
学生：	7,000 円	9,000 円
非会員：	15,000 円	17,000 円

要旨集（2,000 円）のみをご希望の方は、大会事務局までご連絡下さい

プログラム

9 月 3 日（水）

9：00 ～ 17：00 一般講演、特別講演、受賞講演、総会・授賞式
19：00 ～ 21：00 懇親会

9 月 4 日（木）

9：00 ～ 17：00 一般講演

9 月 5 日（金）

9：00 ～ 16：00 特別講演会、土壌採取会(JR 静岡駅解散)

懇親会：2024年9月3日（水） 19:00-21:00

会場：ホテルグランヒルズ静岡 5階 (<https://grandhillsshizuoka.jp/>)

会費

	7月31日まで	8月1日以降
正会員：	10,000円	12,000円
学生：	5,000円	7,000円
非会員：	13,000円	15,000円

特別講演

Dr. Jae-Hyuk Jang, Chemical Biology Research Center, Korea Research Institute of Bioscience and Biotechnology (KRIBB)

Dr. Wasu Pathom-aree, Faculty of Science, Chiang Mai University

参加および講演申し込み要領

1. 大会ウェブサイト (<https://actino.sakura.ne.jp/39th/recruit.html>)より、参加・講演登録して下さい。
*講演申し込み、講演要旨提出の締切日：2025年7月11日（金）
*大会参加の事前申し込みの締切日：2025年7月31日（木）
2. 発表者は学会会員に限らせていただきます。入会手続きについては学会ホームページをご覧ください。
3. 【講演申込に関するお願い】
 - ・演題の発表形式（口頭・ポスター）は、講演要旨をもとに大会実行委員会により決定させていただきます。
 - ・発表スロット数に限りがありますので、1研究室あたりの口頭発表演題数は1題までとさせていただきます。
4. 講演要旨は、大会登録システムにあるテンプレートをダウンロードして WEB 登録システムから入稿して下さい。
5. 発表形式の詳細等は、大会ウェブサイト (<https://actino.sakura.ne.jp/39th/index.html>)にてご案内します。
6. 発表スライドおよびポスターは英語にて作成し、発表言語は日本語・英語のどちらでも構いません。

お問合せ先

2025年度（第39回）日本放線菌学会大会事務局

E-mail: inquiry2025saj@googlegroups.com

2025年度日本放線菌学会四賞授賞者の決定

2025年4月30日

会長 上田 賢志

日本放線菌学会は、下記のように2025年度日本放線菌学会四賞授賞者を決定しましたので以下にご報告致します。

日本放線菌学会大村賞（学会賞）および日本放線菌学会功績功労賞候補者については、理事、評議員、監事およびその経験者が推薦することができます。日本放線菌学会浜田賞（研究奨励賞）および日本放線菌学会企業賞候補者については、自薦も含めてすべての会員が推薦できることになっておりますので、今後も、積極的なご推薦をお願い申し上げます。

【大村賞（学会賞）】

濱野 吉十 氏（福井県立大学）

「放線菌におけるカチオン性ホモポリアミノ酸の生合成機構解明と細胞内直接送達技術への応用」

【功績功労賞】

今田 千秋 氏（東京大学）

「海洋放線菌研究のパイオニア:新種放線菌および新規生理活性物質の発見と応用」

【浜田賞（研究奨励賞）】

齋藤 駿 氏（慶応大学）

「放線菌が生産する二次代謝産物の多様性および機能性の拡大を目指したケミカルバイオリジー研究」

森 貴裕 氏（東京大学）

「放線菌由来altemicidin類およびlincosamide類生合成酵素群の構造機能解析」

【企業賞】

該当なし

学会感想記：

The 5th International Conference on Natural Product Discovery and Development in the Genomic Era

2025年1月5日～9日に5回目の開催となる International Conference on Natural Product Discovery and Development in the Genomic Era が米国カリフォルニア州サンディエゴの Manchester Grand Hyatt ホテルにて、カリフォルニア大学ロサンゼルス校の Yi Tang 教授、カリフォルニア大学サンディエゴ校の Bradley S. Moore 教授、イリノイ大学シカゴ校の Alessandra Eustaquio 教授、ユタ大学の Jaclyn Winter 教授のオーガナイズで開催されました。天然物化学に関する国際会議で、2023年の1月に行われた前回大会と同様に、米国の Society for Industrial Microbiology and Biotechnology (SIMB) と日本放線菌学会、韓国の the Korean Society for Microbiology and Biotechnology (KMB) の共同開催で、今回は17ヶ国から合計215名の参加者がありました。前回大会は、新型コロナウイルス感染症 (COVID-19) が5類への移行時でしたが、今回大会では感染状況も落ち着き、自由に海外渡航できる状況での開催であったかと思えます。

初日には、2020年ノーベル化学賞受賞者である Jennifer Doudna 教授 (カリフォルニア大学バークレー校) による “CRISPR Genome Editing: From Biology to Biotechnology” と題した、ゲノム編集に用いられる CRISPR-Cas9 スクレアーゼの構造多様性と触媒機能に関する基調講演があり、多くの質問と共にサイエンスプログラムのスタートがきられました。また、次の日から6つのセッションで合計45演題の口頭発表があり、4日間に渡って白熱した議論が繰り広げられました。この大会は一つの会場で行われるため、普段は聞かないような天然物化学の様々な分野の講演を聞くことができ、人脈形成の大変良い機会となりました。

日本からの口頭発表は、大利 徹 先生によるペプチド異性化酵素の構造機能解析に関する発表、松田 研一 先生のペプチド環化酵素の応用による非天然型化合物合成、牛丸 理一郎 先生の海洋アルカロイド天然物の生合成機構の解明に関する発表、佐藤 道大 先生の糸状菌由来ポリエーテル化合物の生合成機構の解明に関する発表があり、日本の天然物生合成分野の重鎮である大利先生を中心に本分野での日本のプレゼンスを知らしめた講演であったかと思えます。また、ポスター発表についても学生を含む若い研究者などの112演題があり、活発な質疑が行われました。ポスター発表では、各セッションから1件ずつがポスター賞に選ばれ、日本人では柳澤和希さん (京都大学掛谷研究室) が受賞されました。おめでとうございます。また、重要なことは、日本から20名もの多くの参加があったことです。特に学生については、放線菌学会から5名の発表者への旅費の補助があったことで、多くの学生が発表の機会を得られ、良い経験を積めたのではないかと思います。

今回、口頭とポスターを合わせて多くの発表が、放線菌由来の天然物に関するものであり、放線菌の重要性を物語っています。生合成分野では、これまでの、生化学、遺伝学的な解析に加え、バイオインフォマティクス、有機合成化学、分子生物学、構造生物学、MSなどの分析化学の複合分野での研究技術を組み合わせた研究が盛んとなり、研究の進展のスピー

ドも上がっています。また、今回はビッグデータからの有用酵素、遺伝子のスクリーニングやAIを用いた研究などの発表が多く、今後の天然物研究の進化の道筋を見た気がしました。なお、次回は 2027 年 1 月 10 日～ 14 日にサンディエゴで行われる予定とのことです。次回も現地にてたくさんの方々と直接お話できることを楽しみにしております。



第74回日本放線菌学会学術講演会

日時: 令和6年10月24日(木) 13:30~17:40

場所: 北里大学白金キャンパス プラチナタワー 12階 3125 会議室および、オンライン (Zoom)

参加登録者: 会場 32名 オンライン 33名

プログラム

1. 「光で紐解く海洋微生物の生き様」
吉澤 晋 (東京大学大気海洋研究所)
2. 「翻訳促進ペプチドの開発とタンパク質機能解析への応用」
加藤 晃代 (名古屋大学大学院農学研究科)
3. 「薬剤耐性進化の予測と制御へ向けて: 大規模進化実験によるアプローチ」
古澤 力 (理化学研究所/東京大学大学院)
4. 「1細胞計測とラマン分光で明らかにする細菌・がんの適応的耐性」
若本 祐一 (東京大学大学院総合文化研究科)

講演要旨

光で紐解く海洋微生物の生き様

吉澤 晋

(東京大学大気海洋研究所/大学院新領域創成科学研究科)

地球生態系は、陸域、海域問わず、太陽から供給される光エネルギーを起点として成立している。海洋表層では、藻類の行う光合成を通じて大気中の二酸化炭素が固定され、有機物の形で海洋生態系にエネルギーが流れ込む。しかしながら、せっかく太陽エネルギーで合成した有機物を、再び光へと変換する奇妙な生物が海洋には数多く生息する。GFPが見出されたオワンクラゲ、発光真核微生物である夜光虫やウミホタル、そして最も小さい発光生物である発光細菌などである。海洋の平均水深は 3,800m であり、体積のほとんどを占める空間は太陽光の届かない暗黒空間である。このことを考慮すると、なるほど、海洋では発光になんらかの生態学的な意味がありそうということが容易に想像できる。それでは、生物発光は海洋生態系を駆動する鍵となる要素と言えるだろうか？多くの人は、発光は生物の持つ極めて特別な機能であり、美しい現象ではあるが、海洋生態系における重要度は高くないと想像するだろう。一方で、太陽光の全く届かない空間に生息する魚たちを想像していただきたい。彼らは視覚を維持する必要があるだろうか？面白いことに海洋に生息する魚類のほとんどが目を持っている。また、チョウチンアンコウが光るチョウチンで獲物をおびき寄せるという有名な説は、多くの人に当然のこととして受け入れられている。この説は、魚が光に引き寄せられるという前提に基づくが、あまり疑われることなく常識として認識されている気がしている。これらのことは、海洋生態系において生物が作り出す『光』というものが、咄嗟に想像するイメージよりも重要度が高いことを示唆しているだろう。本発表では、海洋発光生物の中でも特に発光細菌に注目し、発光色、分布、分類、進化的な側面から、発光細菌の光利用生態について幅広く紹介したい。

参考文献

Susumu Yoshizawa, Hajime Karatani, Minoru Wada and Kazuhiro Kogure. *Vibrio azureus* emits blue-shifted light via an accessory blue fluorescent protein. *FEMS microbiology letters*, 329, 61-68. (2012)

Illuminating the Ocean: The Role of Bioluminescence in Marine Life

Susumu YOSHIZAWA.

Atmosphere and Ocean Research Institute/ Graduate School of Frontier Sciences, The University of Tokyo

翻訳促進ペプチドの開発とタンパク質機能解析への応用

加藤 晃代

(名古屋大学大学院・生命農学研究科)

微生物や動植物細胞によるタンパク質生産技術は、バイオ研究および産業に必要不可欠であり「いかに労力・コストをかけず効率よくタンパク質を生産できるか」は、有用タンパク質の探索・機能解析から実用化に至る様々な場面で直面する重要な課題の一つである。昨今は、様々な宿主—ベクター系や無細胞タンパク質合成系の開発が進み、コドン最適化技術や遺伝子合成サービスも普及しており、任意の遺伝子を好きなシステムで発現させることが容易になってきている。しかし、実際には、強力なプロモーターと最適化コドンを使用してもなぜか生産性が低い場合があり、それらは難発現タンパク質と呼ばれる。当研究グループでは、大腸菌や出芽酵母の系において難発現なタンパク質の生産性を簡単に改善するために、N 末端に Ser-Lys-Ile-Lys (SKIK) という 4 アミノ酸からなるペプチドタグを付加する手法を開発し、それが転写ではなく翻訳効率の向上させていることを明らかにしてきた 1)。最近では、大腸菌系を中心にその効果および適用範囲の理解に向けて検討を進めており、SKIK をコードする塩基配列ではなくペプチドとしての配列が重要であること、N 末端ではなくても効果を発揮すること、翻訳停滞を起こすしことで知られる連続 Pro ペプチド配列などに起因する翻訳停滞作用を打ち消せることなどを明らかにした 2),3)。現在は、SKIK のような翻訳促進能を有するペプチドの探索・拡充と作用機序の解明を通し、タンパク質の生産性を向上させるための技術開発をおこなっている。本講演では、翻訳促進ペプチドとタンパク質機能解析への応用について紹介する。

参考文献

- 1) Ojima-Kato, T et al. (2017) J. Biosci. Bioeng.123: 540
- 2) Ojima-Kato, T. et al. (2023) J. Biol. Chem. 299:104676
- 3) Nishikawa, Y. et al. (2024) bioRxiv. doi.org/10.1101/2024.02.28.582505

薬剤耐性進化の予測と制御へ向けて:大規模進化実験によるアプローチ

古澤 力

(理化学研究所 生命機能科学研究センター、東京大学 生物普遍性研究機構)

生物システムは環境変動に応じてその内部状態を柔軟に変化させ、多様な環境に対して適応・進化する能力を持つ。一方で、その過程における状態変化は任意の方向に生じるのではなく、そこには明確な拘束条件と方向性が存在する。その拘束条件を理解し、生物システムを適切に記述する少数の自由度を抽出することは、その状態変化を予測し制御する技術の開発につながり、さらには多剤耐性菌の出現抑制などを通じて医学・薬学への応用展開も期待できる。

我々のグループではこうした考えの下で、ラボオートメーションを活用した微生物の大規模進化実験を展開している。用いた培養システムは、クリーンブースに設置された分注器とそれに接続されたマイクロプレートリーダーから構成され、16,000 を超える独立培養系列を全自動で維持することが可能である[1]。このシステムを用い、様々に異なるタイプのストレス環境下での大腸菌の進化実験を行い、得られた進化株の表現型・遺伝子型を解析した[2]。このデータを適切な機械学習に供することにより、大腸菌の取り得る表現型が比較的低次元に拘束をされていること、多様な突然変異が類似した表現型変化を引き起こすことなどが見出されている。これらの結果は、複雑かつ高次元な細胞や生態系の状態変化を、比較的少数の自由度によって記述できることを示唆しており、その自由度を通じて系の振る舞いを予測し制御可能であることが予想される。そこで我々のグループでは、進化実験の選択環境に適切なフィードバック制御を加えることにより、ターゲットとする表現型(複数の薬剤への耐性プロファイル)に向けて進化軌跡を制御する手法を開発した[3]。本発表では、こうした大規模進化実験により生物システムの進化可能性がどのように解析可能であるかを議論する。

参考文献

- [1] Horinouchi et al. *Jour Lab Automation* 19(5): 478-82 (2014)
- [2] Maeda et al. *Nature Commun.* 11(1):5970 (2020)
- [3] Shibai et al., in prep.

1細胞計測とラマン分光で明らかにする細菌・がんの適応的耐性

若本 祐一

(東京大学大学院総合文化研究科)

細胞は様々なストレス環境に対して柔軟に状態を変化させ、世代を跨いで生をつなぐ高い適応能を持っている。そのような細胞の高い適応能を顕著に観察できる現象として、細菌やがん細胞に抗生物質や抗がん剤などの薬剤を投与した際に見られる「適応的耐性 (Adaptive resistance)」という現象が知られる。適応的耐性とは、最小生育阻止濃度程度の薬剤をクローン細胞集団に投与すると、しばらくの間細胞の増殖が認められないが、やがて細胞集団が再増殖に転じてくる現象である。このような再増殖集団には多くの場合変異が認められず、再増殖集団の耐性は広い意味でのエピジェネティックな要因により実現していると考えられる。また適応的耐性の背景機構を理解するためには、細胞集団中の個々の細胞の表現型のばらつきやそれに基づく選択、さらには薬剤応答に伴う状態変化の詳細などを明らかにする必要がある。

今回の講演ではまず最初に、大腸菌をモデルとしたクロラムフェニコールに対する適応的耐性現象の1細胞解析について紹介したい。独自に開発した長期1細胞計測を実現するマイクロ流体デバイス(1)を用いて、クローン集団の中で耐性を獲得し再増殖に転じてくる細胞の特徴について明らかにする。特に、集団中のすべての細胞が増殖に転じるわけではなく、ごく一部の細胞のみが再増殖できること、そして、そのような薬剤投与下での成長能の回復の背景では遺伝子発現の大きなリモデリングが生じていること、最終的に耐性を実現する遺伝子発現状態は同じ環境に置かれた同じ集団中でも先祖細胞の違いにより大きく異なることなどを紹介する。

また講演の後半では、同様の適応的耐性現象が抗がん剤を投与されたがん細胞においても見られることを紹介する。さらにこの適応的耐性現象でも見られる生細胞内の大規模な遺伝子発現の変遷を明らかにする、ラマン分光を用いたオミクス推定技術(2, 3)の概要や応用についても紹介したい。

参考文献

- 1) Hashimoto, M., Nozoe, T., Nakaoka, H., Okura, R., Akiyoshi, S., Kaneko, K., Kussell, E., & Wakamoto, Y. (2016). Noise-driven growth rate gain in clonal cellular populations. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 113(12), 3251–3256.
- 2) Kobayashi-Kirschvink, K. J., Nakaoka, H., Oda, A., Kamei, K.-I. F., Noshio, K., Fukushima, H., Kanasaki, Y., Yajima, S., Masaki, H., Ohta, K., & Wakamoto, Y. (2018). Linear Regression Links Transcriptomic Data and Cellular Raman Spectra. *Cell Systems*, 7(1), 104-117.e4.

3) Kamei, K. F., Kobayashi-Kirschvink, K. J., Nozoe, T., Nakaoka, H., Umetani, M., & Wakamoto, Y. (2024). Revealing global stoichiometry conservation architecture in cells from Raman spectral patterns. *BioRxiv*. <https://doi.org/10.1101/2023.05.09.539921>

第 75 回日本放線菌学会学術講演会

日時:令和 7 年 2 月 27 日(木) 13:30~17:40

場所:微生物化学研究所 別館 2 階 会議室 および、オンライン (Zoom)

参加登録者: 会場 34 名 オンライン 61 名

プログラム

1. 「生物活性分子としての有機ホウ素化合物の可能性」
草野 修平 (理化学研究所環境資源科学研究センター)
2. 「メタン生成アーキアに寄生する超微小細菌の発見」
黒田 恭平 (国立研究開発法人産業技術総合研究所)
3. 「腸内細菌叢およびその代謝産物の食品由来成分による制御」
栗原 新 (近畿大学生物理工学部)
4. 「微生物化学に魅せられて」
長田 裕之 (微生物化学研究所)

講演要旨

生物活性分子としての有機ホウ素化合物の可能性

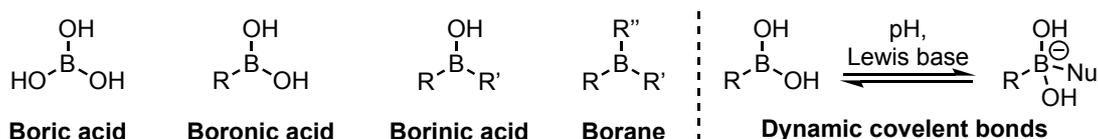
草野 修平

(理化学研究所 環境資源科学研究センター)

「ホウ素」と聞いて連想するものはどのようなモノ・コトであろう？有機合成に用いる試薬・触媒¹⁾、中性子捕捉療法、植物の生育に必要な微量必須元素、はたまたホウ酸団子などであろうか。本講演では、ホウ素(B)–炭素(C)結合を有する有機ホウ素化合物の生物活性分子としての可能性を紹介したい。

有機ホウ素化合物とは B–C 結合を持つ化合物の総称であり、B–C 結合の数に対応してボロン酸、ボリン酸、ボランに細分類される(下図-左)。有機ホウ素化合物のなかでもボロン酸はとくに化学的に安定でまた低毒性であるため、2000年頃から創薬分野において生物活性ボロン酸の探索が進められてきた。Bortezomib や Tavaborole に代表されるように、数々のボロン酸誘導体が医薬品として承認されており、ボロン酸創薬は大きな成功を取めているといえる。

ボロン酸の優れた生物活性の原動力となるのが、上述した安定性や低毒性に加えて、周辺環境に応じて可逆的に変化するホウ素原子上の結合数である(下図-右)。この動的結合性が、タンパク質との結合性や細胞膜透過性等の優れた分子特性をボロン酸に付与する。私は、生物活性分子としてのボロン酸の可能性に着目して、その植物科学への展開をいち早く進めてきた。これまでに、独自のボロン酸化合物ライブラリーの中から、植物の生長促進効果をもたらす SK818 を得ることに成功している。現在その作用機構の解明を進めており、作用標的タンパク質の同定に成功するとともに、その下流で遺伝子発現調節に関わると想定される未知因子にも迫りつつある。本講演では、ボロン酸の化学および創薬研究を概説したのちに、私が進めるボロン酸の植物化学遺伝学研究的の最新成果を紹介したい。



参考文献

- 1) S. Kusano, Y. Yamada, S. Hagihara, *J. Org. Chem.* **2024**, *89*, 6714.

メタン生成アーキアに寄生する超微小細菌の発見

黒田 恭平

(国立研究開発法人産業技術総合研究所・生物プロセス研究部門)

Candidatus Patescibacteria もしくは Candidate Phyla Radiation (CPR) (以下, CPR 細菌) は未知バクテリアの巨大系統群であり, 自然環境や廃水処理場などの人工生態系内に普遍的に存在している¹⁾。CPR 細菌は, 細胞やゲノムサイズが極小であり, 増殖に必要な生合成経路を欠くことから, 他の生物に寄生もしくは捕食する生活様式をとることが予測されている。近年, 培養法や顕微鏡観察等により, 放線菌 (*Actinobacteria* 綱) を宿主とする *Ca. Saccharimonadia* (旧名 TM7), *Gammaproteobacteria* 綱の光合成細菌を宿主とする *Ca. Gracilibacteria* (旧名 GN02), 好気性廃水処理プロセスに広く存在する *Betaproteobacteria* 綱の *Zoogloea* 属細菌を宿主とする未知系統群 JAEDAM01 (旧名 BD1-5)²⁾ などのドメイン内共生が報告されている。一方, *Ca. Paceibacteria* (旧名 OD1/*Ca. Parcubacteria*) は, 真核生物の細胞内に存在することが報告されており, CPR 細菌の宿主範囲は細菌だけに留まらないことが示唆されていた。我々は, 16S rRNA 遺伝子配列情報に基づくネットワーク解析により, *Ca. Paceibacteria* が嫌気性廃水処理システムに優占して存在し, 廃水処理の主要なプレイヤーであるメタン生成アーキアなどと相関関係があることを見出した。アーキアとのドメインを超えた共生関係が存在する可能性を考え, 宿主候補としてメタン生成アーキアを添加し, 生合成経路を欠く *Ca. Paceibacteria* の成長因子として 4 種類のヌクレオシドリン酸, アミノ酸溶液, 酵母抽出液を添加した嫌気性無機塩培地を用いて嫌気性廃水処理汚泥からの集積培養を試みた。その結果, 酢酸資化性メタン生成アーキア *Methanothrix* 属³⁾と水素資化性メタン生成アーキア *Methanospirillum* 属⁴⁾に寄生する 3 種類の CPR 細菌を世界で初めて集積培養することに成功した。さらに蛍光/電子顕微鏡観察とゲノム解析, メタトランスクリプトーム解析を組み合わせることで, これらの共生関係が寄生であることを提唱した⁵⁾。本講演では, CPR 細菌とアーキアとのドメインを超えた共生に関する我々の研究について, CPR 細菌の分離培養に成功し, 新門提案 (*Minisyncocota* 門) を行った最新の成果⁶⁾も含めて紹介する。

参考文献

- 1) 黒田ら, 日本微生物生態学会誌, 38(1), 2–13, 2023., 2) Fujii *et al.*, *Environ Microbiol Rep*, 16(5), e70007, 2024., 3) Kuroda *et al.*, *mBio*, 13(5), e01711-22, 2022., 4) Kuroda *et al.*, *Microbes Environ*, 37(4), ME22063, 2022. 5) Kuroda and Nakajima *et al.*, *mBio*, 15(3), e03102-23, 2024. 6) Nakajima *et al.*, *Int J Syst Evol Microbiol*, 75(2), 006668, 2025.

腸内細菌叢およびその代謝産物の食品由来成分による制御

栗原 新

(近畿大学・生物理工学部)

近年、肥満・糖尿病・自閉症等の全身性の疾患が、腸内細菌叢の組成と深く関連することが報告され、腸内細菌叢は「もう一つの臓器」と呼ばれている。我々は、腸内細菌叢やその代謝産物(腸内細菌がヒト腸管内腔で食品成分を原料として産生する物質)が宿主の健康に与える影響を明らかにし、腸内細菌叢の組成や代謝産物の産生量を食品成分により最適化し、ヒト健康を増進することを目的として、以下の研究を行った。

まず、日欧のヒト腸内に常在する細菌叢における最優勢 80 菌種の中の入手可能な 60 菌種のうち、51 菌種(85%)を同時に培養する手法を開発し、これら 51 菌種を 96 穴プレート上でハイスループットに培養し、51 菌種の様々な物質に対する資化能および代謝産物を解析可能な系を構築した(1)。

開発した腸内細菌の培養システムを用いて得られた培養上清を解析したところ、5 菌種が芳香族アミノ酸脱炭酸酵素(AADC)が触媒する反応により、フェネチルアミン(PEA)を産生することが明らかとなった。さらにヒトの糞便サンプルを添加した試験管内培養により、糞便培養液における *Ruminococcus gnavus* の *aadc* コピー数と PEA の産生量との間に統計学的に有意な正の相関があった。また、遺伝子操作した *Enterococcus faecalis* を定着させたモデルマウスを用いて、腸内細菌の *aadc* が大腸セロトニン(骨粗鬆症や過敏性腸症候群に関与する)の産生を促進することが明らかとなった。さらに、ヒトの AADC を阻害する既存薬剤であるカルビドパとベンセラジドは、*E. faecalis* の PEA 産生を阻害した(2)。

食事由来の難消化性成分の一部は、小腸で消化されずに大腸に到達して腸内常在細菌叢の組成に影響を与える。難消化性糖質はすでにプレバイオティクスとして実用化されているが、三大栄養素の残り二つの脂質やタンパク質の難消化性成分については、研究がほとんど進んでいない。我々は、「大豆由来難消化性ペプチド(精製大豆タンパク質をペプシンおよびパンクレアチンで分解した際の不溶性画分)が大腸腸管内腔でアミノ酸に分解され、さらに生理活性を有するアミンを生成する。」という仮説を立て、プトレッシン(アルギニンを前駆体とし、様々な健康増進効果が報告されているアミン)を題材として研究を行った。大豆由来難消化性ペプチドを添加した培地でヒト糞便を培養したところ、30%の糞便で大豆由来難消化性ペプチドにより上清中のプトレッシン濃度が増加し、全体の 70%の糞便においてプトレッシンの前駆体であるアグマチンが増加した。次に、アグマチンをプトレッシンに変換する機能を有するブルーチーズ由来乳酸菌 *Levilactobacillus brevis* FB215 と大豆由来難消化性ペプチドを、ヒト糞便培養液に添加したところ、全体の 80%の糞便でプトレッシンが増加し、10 検体のプトレッシンの平均濃度も統計学的に有意($p = 0.0377$)に約 3.8 倍に増加した。

この大豆由来難消化性ペプチドが腸内細菌の増殖に与える影響を上記培養システムを用いて解析したところ、腸管バリアを破壊する可能性がある *Bacteroides caccae* をはじめとした *Bacteroides* 属細菌の増殖が選択的に抑制された。この選択的抑制効果は、ヒト糞便を用いた混合菌叢培養においても起こった。さらに、抗生物質を経口投与したマウスに、*B. caccae* と善玉腸内細菌の *Bifidobacterium longum* を定着させ、大豆由来難消化性ペプチドあるいは食物繊維(難消化性糖質)を添加した餌で4週間飼育したところ、食物繊維負荷群と比較して大豆由来難消化性ペプチド負荷群では、糞便中の *B. caccae* の占有率が有意に減少した($p = 0.008$)。一方で、*B. longum* の占有率に統計学的な影響はなかった。

最後に、特定の腸内細菌(善玉菌)を選択的に増殖促進する「次世代型プレバイオティクス」を上記培養システムを用いて、新規オリゴ糖からスクリーニングしたところ、ビフィズス菌 *Bifidobacterium infantis* を特異的に増殖促進する次世代型プレバイオティクスであるガラクトシル- β 1,4-ラムノース(GalRha)が特定された。また、このビフィズス菌に選択的な増殖促進がビフィズス菌特異的に分布するABCトランスポーターの基質結合タンパクB1105A_0502に依存することをビフィズス菌の遺伝子破壊株を用いて示した。さらに、GalRha投与により *B. infantis* の増殖を特異的に促進することで、*Clostridioides difficile* の感染によって引き起こされるマウスの体重減少を緩和することに成功した(3)。

参考文献

1. Hirano, R., Nishita, I., Nakai, R., Bito, A., Sasabe, R., Kurihara, S.*. Development of culture methods capable of culturing a wide range of predominant species of intestinal bacteria. *Front Cell Infect Microbiol* 13:1056866. (2023)
2. Sugiyama, Y., Mori, Y., Nara, M., Kotani, Y., Nagai, E., Kawada, H., Kitamura, M., Hirano, R., Shimokawa, H., Nakagawa, A., Minami, H., Gotoh, A., Sakanaka, M., Iida, N., Koyanagi, T., Katayama, T., Okamoto, S., and Kurihara, S.*. Gut bacterial aromatic amine production: aromatic amino acid decarboxylase and its effects on peripheral serotonin production. *Gut Microbes* 14:2128605. (2022)
3. Hirano, R., Sakanaka, M., Yoshimi, K., Sugimoto, N., Eguchi, S., Yamauchi, Y., Nara, M., Maeda, S., Ami, Y., Gotoh, A., Katayama, T., Iida, N., Kato, T., Ohno, H., Fukiya, S., Yokota, A., Nishimoto, M., Kitaoka, M., Nakai, H.*#, and Kurihara, S.*#. Next-generation prebiotic promotes selective growth of bifidobacteria, suppressing *Clostridioides difficile*. *Gut Microbes* 13:1973835. (2021)

微生物化学に魅せられて

長田 裕之

微生物化学研究所

微生物化学の研究は、生産菌の分離から始まり、目的の活性を見出すためのスクリーニング系の確立、化合物の構造解析、さらには目的化合物を同定した後にも、生合成機構や遺伝子発現の解析、作用機作研究など多岐に亘る研究へと展開する。私は、微生物化学(抗生物質)研究を起点とするケミカルバイオロジー研究を長年行ってきたが、「少年老い易く学成り難し」を実感している。

本講演では、我が国の微生物化学の歴史を概説し、我々が行ってきた抗がん剤探索研究から抗ウイルス剤開発に向けた研究について紹介する。

新型コロナウイルス感染症(COVID-19)は、2020-2023年にパンデミックとなり、世界中で6億人を超える感染者と600万人以上の死亡者を出した。現在ではほぼ終息しているが、新たな感染症がまた蔓延する危険性は存在する。COVID-19の教訓を忘れず、公衆衛生の意識、治療薬の備えをしておく必要がある。

我々は10年以上前に、抗がん剤探索としてMYCが過剰発現している急性骨髄性白血病細胞HL-60を用いて、その分化誘導および細胞毒性を指標にしたスクリーニングを行った。その結果、理研天然化合物バンク(NPDepo)のライブラリー化合物約7000種類の中から、EC₅₀値0.8 nMという極めて低濃度でHL-60細胞を単球系へ分化誘導するフロクマリン系化合物NPD723を見出した[1]。代謝安定性を検討した結果、NPD723は生体内で還元を受け、H-006に変換されることが明らかになった。すなわち、H-006が活性本体で、NPD723はそのプロドラッグと言える。

NPD723/H-006の作用標的を解析したところ、H-006の標的分子はジヒドロオロト酸デヒドロゲナーゼ(DHODH)であることが強く示唆されたので、精製したヒトDHODHに対する阻害活性を測定した。NPD723は1000 nMでも酵素活性を阻害しなかったが、H-006はIC₅₀値2.8 nMで阻害した。さらに、DHODHとH-006の共結晶を得ることができたのでX線結晶構造解析を行った結果、H-006は、DHODHのコピキノン結合サイトに結合することが明らかになった[1, 2]。

COVID-19が流行した時、SARS-CoV-2に対する抗ウイルス剤のスクリーニングを行っていた国立感染症研究所の渡士幸一博士から依頼されて、H-006を提供した。その結果、H-006は*in vitro*で優れた抗ウイルス活性を示した。SARS-CoV-2の変異株にも有効であり、先行薬と化学構造、標的分子が異なるので、交叉耐性を示す可能性も低いことが予測できる。また、WHOはMpox(旧称・サル痘)[3]の感染爆発を懸念しており、新たな治療薬開発が喫緊の課題となっているが、H-006はMpoxウイルスに対しても優れた抗ウイルス活性を示した。H-006および誘導体の抗ウイルス活性についても報告する。

謝辞: 川谷誠、青野晴美、清水猛、平沼佐代子(理研 CSRS)
渡邊正悟、渡辺賢二(静岡県立大学)
日紫喜隆行、渡士幸一(国立感染症研究所)
科研費(17H06400)、AMED 次世代がん研究(21cm0106112h0006)
AMED 新興・再興感染症(1268318)

参考文献

- [1] Kawatani M, Aono H, Hiranuma S, Shimizu T, Muroi M, Nogawa T, Ohishi T, Ohba SI, Kawada M, Yamazaki K, Dan S, Dohmae N & Osada H: Identification of a dihydroorotate dehydrogenase inhibitor that inhibits cancer cell growth by proteomic profiling. **Oncol Res** 31, 833-844 (2023)
- [2] Nakahara M, Watanabe S, Sato M, Okumura H, Kawatani M, Osada H, Hara K, Hashimoto H & Watanabe K: Structural and functional analyses of inhibition of human dihydroorotate dehydrogenase by antiviral furocoumarin. **Biochemistry** 63, 1241-1245 (2024)
- [3] 東京都感染症情報センター (<https://idsc.tmiph.metro.tokyo.lg.jp/diseases/mpox/>)

日本放線菌学会賛助会員

長瀬産業（株）ナガセバイオイノベーションセンター
（公財）微生物化学研究会 微生物化学研究所

Meiji Seika ファルマ（株）足柄研究所

日本マイクロバイオファーマ（株）研究開発部

合同酒精（株）酵素医薬品研究所

味の素（株）生産統括センター

トヨタ紡織（株）基礎研究所

富士シリシア化学（株）研究開発グループ

（有）南十勝衛生社

天野エンザイム（株）

名糖産業（株）東京研究所

著作権について

本誌に掲載された論文、抄録、記事等の著作権は、日本放線菌学会に帰属します。これら著作物の一部または全部をいかなる形式でもそのまま転載しようとするときは、学会事務局から転載許可を得て下さい。

日本放線菌学会誌 第39巻1号

ACTINOMYCETOLOGICA 令和7年6月30日発行

編集兼発行 日本放線菌学会

〒141-0021 東京都品川区上大崎 3-14-23

公益財団法人 微生物化学研究会 微生物化学研究所内

日本放線菌学会事務局

電話: 03-6455-7169 Fax: 03-3441-7589

E-mail info@actino.jp

年間購読料 5,000円（会員無料）

<http://www.actino.jp/>

未来のあなたにも、
この花の美しさが届きますように。
海の青さや四季の恵みを感じられる、
豊かな毎日を過ごせますように。
今日のわたしたちと同じように。

“サステナビリティ”って、きっと、
今よりもっときれいな地球を未来に還すこと。
未来を生きる子どもたちの幸せを考えて、
行動してみること。
それがNAGASEを動かす想い。
環境にやさしいものづくりのためにできることは何か。
みんなの健康のために、
限りある資源のためにできることは何か。

「次」なる課題を解決して、NAGASEが実現したいのは
人と地球のウェルビーイング。

今日を生きるわたしたちも、未来のあなたも、
幸せでありますように。

今のわたしも、
未来のあなたも。



NAGASE

Delivering next.



恒温槽型 マルチウェイ式振とう培養機 PRXY シリーズ



最大架数98本
500mlフラスコ架数最大で98本まで



マルチウェイ式
往復運動、回転運動の両振とう方式および
振幅を切り替えて使用することが可能



恒温槽型
フィンヒーターと冷凍機による温度調節

※写真はPRXY-12-R-3F。製品の品質改良等の理由により、仕様・外観は予告なしに変更することがあります。

お問い合わせ窓口



株式会社 プリス 理化学機器部
川口事業所・バイオテクニカルセンター

〒332-0023 埼玉県川口市飯塚 3-16-11
TEL : 048-258-5335
FAX : 048-258-0463

放線菌と生きる
日本放線菌学会 25周年記念
みみずく舎 発行
／医学評論社
発売
定価4,104円(税
込み)
学会特別頒布価
格3,200円(税・
送料込み)

日本放線菌学会

発行 みみずく舎
発売 医学評論社

B5判 264頁十
口絵4頁
ISBN 978-4-
86399-101-9
C3047
みみずく舎：発行
／医学評論社：
発売
定価4,104円(税
込み)
学会特別頒布価
格3,200円(税・
送料込み)

**放線菌の
分類と同定**
日本放線菌学会 編
editor by
The Society for Actinomycetes Japan
財団法人
日本学会事務センター

日本放線菌学会編 日本学会事務センター刊
ISBN 978-4891140113
A4版上製、410頁
定価7,000円(税別)
特別価格 4,500円(税および送料別)

お申し込みは学会事務局 sales@actino.jp まで

日本放線菌学会誌 第39巻1号
ACTINOMYCETOLOGICA VOL.39 NO.1, 2025