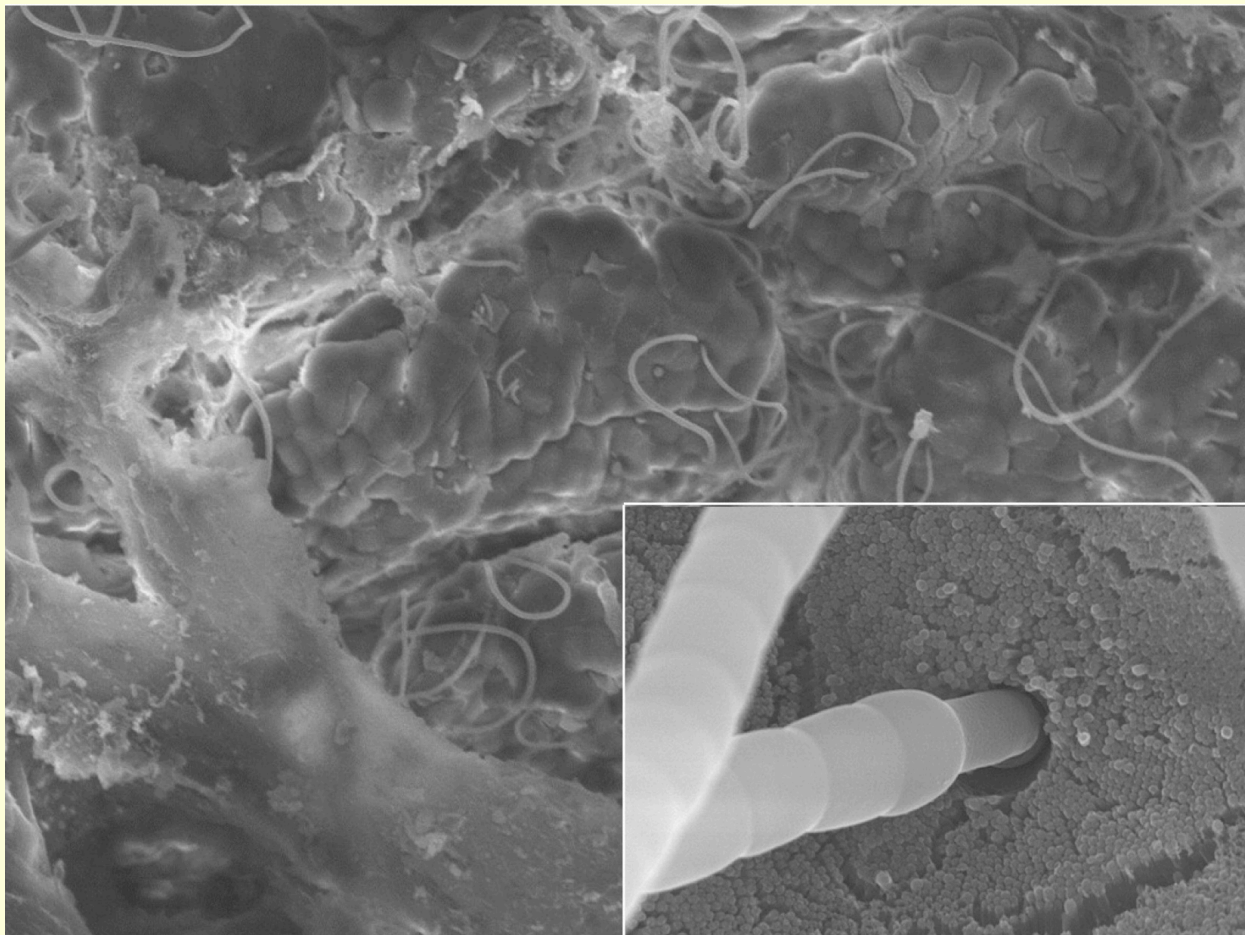


日本ゲノム微生物学会 ニュースレター

マウスの回腸粘膜に付着した Segmented Filamentous Bacteria (SFB)



Segmented filamentous bacteria (SFB) は哺乳類の腸管に常在する難培養菌である。特に回腸末端のリンパ組織であるパイエル板周囲の粘膜に強固に付着し、極めて長い連鎖を形態的特徴とする。SFB はグラム陽性で芽胞を形成し、16S rRNA遺伝子による分類では*Clostridium*属に近縁の細菌と考えられており、哺乳類の離乳期にかけて増加し、以後漸減する。またSFBは腸管免疫系の発達に深く関与しており、腸管におけるIgAの産生やTヘルパーリンパ球 (Th17) の分化を誘導することが知られている。全ゲノム配列解読からSFBはアミノ酸やビタミンの合成経路の多くを欠損しており、増殖に必要なこれらの栄養素を宿主に依存していると考えられる。さらにSFBのゲノム中には3種類のフラジェリンを含む鞭毛合成遺伝子群が保存されており、SFBのライフサイクルの中に遊走ステージの存在することが示唆される。ゲノム解析からSFBの難培養性の理由や免疫修飾作用の分子メカニズムなど、これまで未知であった生物性状の解明が期待される。

桑原知己（香川大学医学部）： 写真はマウスの回腸粘膜に付着したSFB。微絨毛を押しわけ、腸管粘膜に深く菌体を潜り込ませている。【撮影：大岡唯祐博士（宮崎大学医学部）】

奨励賞受賞研究-その1

一括学習型自己組織化マップ (BLSOM) : 大量ゲノム配列情報研究のための新規情報学的手法の開発

阿部 貴志 (長浜バイオ大学・バイオサイエンス学部)



私が工学部電子情報工学科で学んでいた頃、世間ではヒトゲノムプロジェクトが盛んに話題にされており、私の興味は、自然にゲノムそしてバイオインフォマティクスへと向かっていきました。コンピュータを用いて、ゲノムという生命情報の塊から如何にして有意義な情報を引き出すか、研究に没頭する日々が始まりました。

着目したのは、コホネン博士が記憶やその想起の機構を研究するために開発した自己組織化マップ (SOM) です。大規模データから視覚的に理解しやすい形式で特徴抽出可能な教師なし学習アルゴリズムで、工学・経済学・言語学といった大量で複雑な情報解析を要する分野で普及していますが、当時は塩基配列解析には余り用いられていませんでした。問題点は、長い計算時間を要し、結果がデータの入力順に依存するという事です。人間の記憶の場合は、情報の入力順に依存する事に意味がありますが、ゲノム配列解析では、誰が解析しても同様の結果を得る事が重要です。そこで、データ入力順に依存しない一括学習アルゴリズムを導入したBLSOM (Batch-Learning SOM) を開発しました。また、連続塩基出現頻度はゲノム間で明瞭に異なるため、これをゲノム間の識別に利用出来ると考え、2連続塩基 ($4^2=16$ 種類)、3連続塩基 ($4^3=64$ 種類)、4連続塩基 ($4^4=256$ 種類) の出現頻度をパラメータとしました。図1は、公的データベースに登録されている原核生物、真核生物、ウイルス、葉緑体、ミトコ

ンドリア、合わせて36,248生物種のゲノム配列 (総計18Gb) を5kbごとに断片化した3,600,000配列断片を対象に、4連続塩基出現頻度のBLSOM解析を実施した結果です。原核生物はもちろん真核生物やウイルス類についても、配列断片が生物系統ごとに高精度に分類(自己組織化)されました。BLSOMアルゴリズムによって、生物種情報を与える事なく、連続塩基出現頻度パターン類似度のみで、ゲノム配列断片を生物種ごとに分類できたのです。

そして現在、次世代シーケンサーの出現に伴いメタゲノム解析が普及し、日々爆発的な量のメタゲノム配列が解読されています。新規遺伝子を豊富に保有する可能性があり、産業的にも注目を集めるものですが、多くのゲノム配列が生物種不明なまま公開されています。理由は、環境微生物の99%以上が難培養性であるため、通常の実験的研究が困難であるという事、そしてコンピュータを利用しても、新規性の高い配列類であるため、配列相同性検索のような従来法では生物系統や新規性を適確に推定することが困難だからです。そこで、大量ゲノム配列情報解析を得意とするBLSOMを改良し、環境微生物ゲ

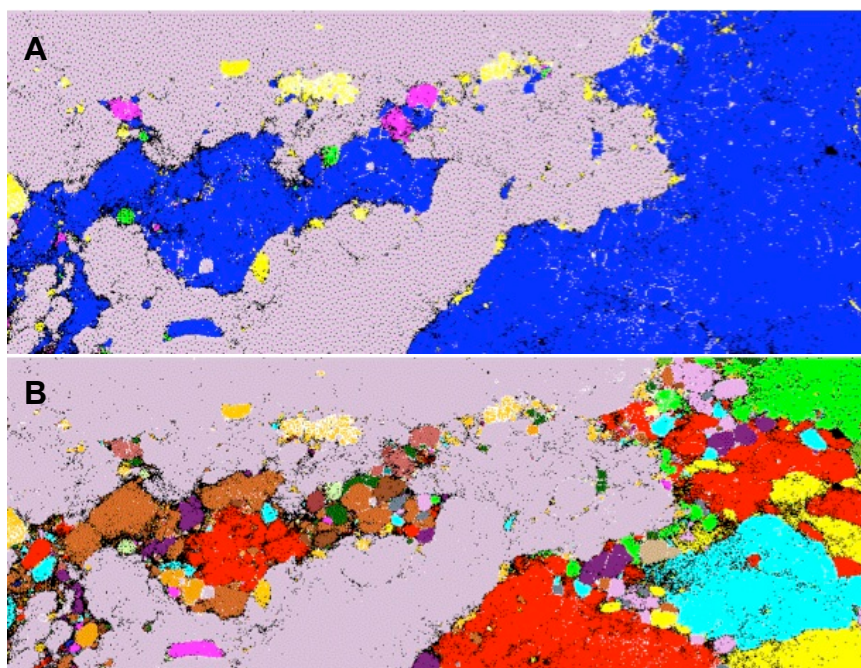


図1：全36,248生物種を対象にしたBLSOM解析結果

(A) 原核生物 (■) 2,813種、真核生物 (■) 111種、ウイルス (■) 31,486株、葉緑体 (■) 110種、ミトコンドリア (■) 1,728種

(B) 原核生物を28系統群ごとに色分けした場合。代表的な系統群と色の対応を以下に示す： α -proteobacteria (■), β -proteobacteria (■), γ -proteobacteria (■), δ -proteobacteria (■), ϵ -proteobacteria (■), Actinobacteria (■), Bacteroides (■), Chlamydiae (■), Crenarchaeota (■), Cyanobacteria (■), Euryarchaeota (■), Firmicutes (■), Spirochaetales (■), Thermotogales (■)

ノムの多様性を推定するための系統分類法、ならびに新規性の高い未知微生物ゲノムを効率的に探索する手法を開発しました。連続塩基出現頻度にのみ着目するため、16S rDNA等のオーソログ配列セットが不要であり、ウイルスを含む全生物のゲノム配列に対応できます。高度な並列化にも適応させたので、地球シミュレータなどのスーパーコンピュータを活用する事で、短時間で大規模ゲノム配列解析が実行できます。

このBLSOMを用いて、環境生物分野の実験グループと多数の共同研究を行い、様々な環境中の未知微生物の系統推定や比較ゲノム解析を実施しています。例えば、地下石油備蓄基地地下水のメタゲノム配列から得られた、新規の嫌氣的石油分解候補遺伝子の生物系統をBLSOM解析により明らかにしました。また、生物学的メタン発酵プロセスで重要な役割を果たすプロピオン酸酸化共生細菌のゲノム解析プロジェクトに参加し、BLSOMを用いて、共生下での遺伝子の水平伝播によるゲノム進化を明らかに

しました。現在、新領域融合プロジェクトに参加し、天然の冷蔵庫として貴重なサンプルである南極氷山の氷床コアのメタゲノム配列をBLSOMで解析しています。数十万年前と現在の微生物叢を比較解析し、環境変動と微生物叢変動の関係を明らかにしようとしています。

今後、これまでのゲノム研究の成果を活かし、実験研究者のための新しいゲノム配列アノテーションシステムを開発したいと考えています。具体的には、実験研究者がゲノム配列／メタゲノム配列をアップロードする事で、生物系統と新規性の推定、機能推定、生物種数と構成比、水平伝播ゲノム部位を高速表示するシステムを開発し、更に、実際のフィールドから得られた多様なデータとの統合データベースを構築したいと考えています。これにより、地球規模で微生物生態系を俯瞰し、環境変動に対する生物適応と進化のプロセスを解明していく事が目標です。（現在の所属：新潟大学大学院・自然科学研究科、新潟大学工学部・情報工学科）

奨励賞受賞研究-その2

シアノバクテリアにおけるゲノムワイドな概日発現リズムの振動機構の解明

岩崎 秀雄（早稲田大学・理工学術院、電気・情報生命工学科）



概日リズムとは、文字通り「おおむね（概ね）一日のリズム」のことで、ほとんどの真核生物とシアノバクテリアに見られる内因性の生物リズムです。その周期は、他の多くの生物・化学振動と異なり、夏でも冬でも（温度を変えても）栄養条件を極端に下げても比較的安定で（周期の温度・栄養補償性）、外界の光条件により時刻合わせを受ける（同調機構）といった際だった生理学的特性を持っています。ヒトでは体内時計とも呼ばれ、その異常は時差ぼけだけでなく季節性うつ病や不眠症、肥満の原因になります。また、概日リズムは日長測定機構を備えており、季節性の植物の開花調節や家畜・家禽の繁殖を司る光周性の基本機構であることから、農

業上も極めて重要な意味を持っています。

概日振動のような再帰的な時間発展現象は、単一遺伝子の機能や単純なカスケード型のシグナル伝達系のような線形の図式として理解できません。複数の因子の織りなすフィードバックの絡んだ動的かつ複雑な非線形現象として解析することが求められることになるわけです。ですから、研究の盛んな真核生物よりも、出来るだけ単純な生物で解析することにも利があると思われます。そこで、概日リズムが知られる最も単純な生物で、分子遺伝学的解析にも耐える単細胞性シアノバクテリア *Synechococcus* をモデルとした、基礎生物学研究所（現・名古屋大学）の近藤孝男先生のグループの研究に興味を持ちました。そこで、大学院～助手時代は近藤先生のところでお世話になり、まずシアノバクテリアの時計関連遺伝子 *kaiABC* の同定に携わりました（Science 1998）。その後は、主としてKaiC蛋白質の生化学的な解析と分子遺伝学的な解析を行い、KaiCの自己リン酸化・リン酸化振動（PNAS 2002）、Kai蛋白質間相互作用（EMBO J. 1999、時刻依存的な時計複合体形成ダイナミクス（JBC 2003）、時計蛋白質の合成分解速度（JBC 2004）などの解析をおこないました。論文は書いたのですが、正直苦しい時期が続きました。当時は（今でも、かもしれません）転写翻訳フィードバック・モデルというのが概

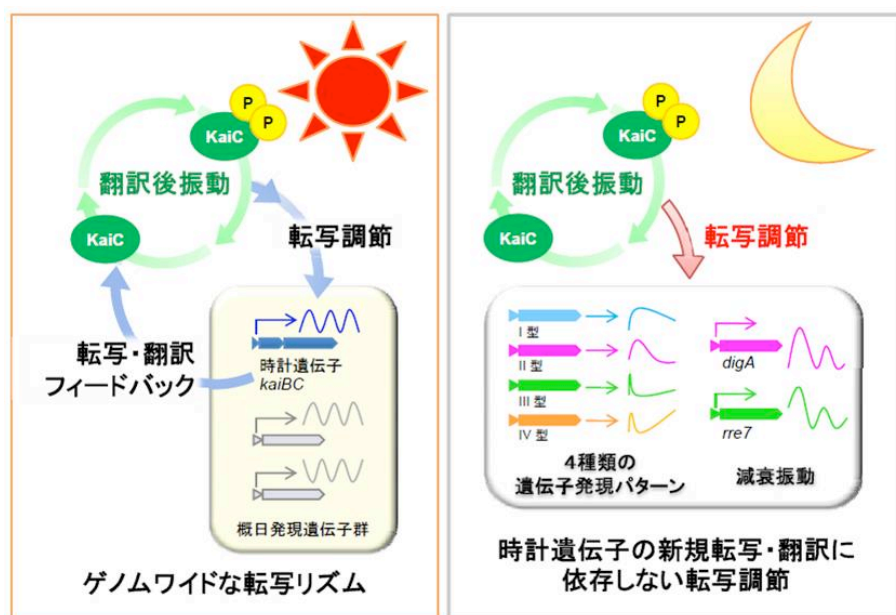


図1：KaiCタンパク質のリン酸化振動と時計遺伝子の転写調節

連続的な明条件下（左）では、KaiC蛋白質のリン酸化振動（基本振動）が、ゲノムワイドな転写リズムを駆動する。時計遺伝子自身もそれを受けて周期的に発現するため、二次ループとしての転写・翻訳フィードバックも生じる。一方、暗期（右）では、時計遺伝子の転写・翻訳が完全に停止するので、時計遺伝子の転写・翻訳フィードバックは消失する。にもかかわらず、概日時計の基本振動（KaiCリン酸化振動）は持続し、限られたエネルギーを使って暗誘導遺伝子の転写を時刻依存的に制御したり、減衰振動を駆動できる。

日リズムのセントラルドグマのように君臨していました。これは、時計遺伝子が転写され、生成される時計蛋白質が時刻遅れを持って自らの転写を抑制するネガティブ・フィードバック・ループに基づく振動モデルです。Molecular Biology of the CELLにも掲載されて、種によらず概日リズムの一般的な原理であるとされていました。でも、実際にはそれに当てはまらないような現象もいくつか知られていましたし、何よりドグマチックで面白くないし、なにかそれに結びつかないと論文にならないような不健全な雰囲気を感じていました。

そこで、従来常識となっていたこのモデルの原理的・実験的な欠点（いくつかの生物で、古典的な時計遺伝子欠損株でもリズムが観察される場合があることや、転写翻訳に依存するシステムでは温度補償性・栄養補償性を説明しにくいことなど）を再検討する必要があると思いました。たとえば、当時所属していたグループを含め、時計の分子生物学的解析全般で重用されていた生物発光レポーターの使用が、場合によっては転写制御を必要以上に重要視する背景となっていることに疑問を抱いて、発光レポーターに寄らない転写後制御研究の重要性にはいち早く注目するようになりました。

*Synechococcus*は完全光要求性光合成生物で、従来の概日振動解析はすべて連続明条件下で行われていました。そこで、増殖の停止する連続暗条件下で時計の状態に着目し、時計遺伝子の転写が直ちに停止するにも関わらずKaiCリン酸化リズムがまったく遜色なく持続することを大学院生であった富田淳さんと発見しました（Science 2005a）。このリズムは温度補償性を持ち、転写・翻訳阻害剤を添加しても影響を受けないことから、転写翻訳フィードバックが概日振動発生に必須ではないことを初めて実験的に明らかにすることが出来たわけです。代替案として、蛋白質間の動的な生化学ネットワークによる酵素反応的振動発生モデルを提案しましたが、このアイデアは、三種類の時計蛋白質（KaiA, KaiB, KaiC）の組

換え蛋白質をATPと試験管内でインキュベートするだけで、試験管内で約24時間周期のKaiCリン酸化振動を再構成できたことにより完全に証明できました（Science 2005b）。最初にその蛋白質の振動パターンを示すゲルを見たときの感動は忘れられません。今のところ、体内時計の試験管内再構成の唯一の例になっていますが、嬉しいことに、原核生物におけるこの成果は、いまや哺乳類など高等動植物の時計研究にインパクトを与え、真核生物に於いても同様の翻訳後振動の可能性が盛んに議論されるようになり、今年になって微細藻類と人の赤血球でも転写翻訳によらない翻訳後修飾による概日振動発生が報告されるに至りました。

出力系の解析にも力を入れてきました。さまざまな光環境条件下や時計遺伝子破壊株におけるゲノムワイドな発現プロファイル調べたところ、連続明では5割程度の転写産物に顕著な概日リズムが見られました。生化学的には、どうやらKai蛋白質振動子は、時刻依存的に二成分情報伝達系に時刻情報を伝達し、時計遺伝子発現自身を含む出力（転写リズム）を制御しているようです（Cell, 2000; PNAS 2006）。明期から暗期に細胞を移すと、時計遺伝子だけでなく、殆どの遺伝子発現は直ちに抑制さ

れ、時計遺伝子を含む9割以上のmRNAが直ちに分解されました (PNAS 2009)。夜間においても一部の遺伝子には概日制御が見られることも分かってきました (PNAS, 2011)。

いま、僕の研究室では、さらに色々なプロジェクトを動かしています。概日リズムは細胞の中でどのように時間的パターンが生じたのか、という問題系ですが、それを空間拡張すると、「個体の中でどのように空間パターンができあがるのか」という発生・分化の問題に展開できます。そこで、多細胞性のシアノバクテリアのヘテロシスト形成や概日リズムの解析、さらに「個体同士が協調的に相互作用することで、どのようにマクロな集団パターン行動が引き起こされるのか」という観点から、シアノバクテリアのコロニーパターン形成と運動パターンの解析も行っています。いずれも「生きものがどのよう

にパターンを作るのか」という問題です。僕は、さらに「なぜそれをヴィヴィッドに私たち自身が感じ、受け止めるのか」という内部観測的な問題が実は大事だろうと思っているのですが、それについてはだいぶ違うアプローチをしていこうと考えていますが、それはまた別の機会にお話しさせていただければと存じます。

最後になりましたが、本研究は、近藤先生をはじめ、多くの共同研究者の方々や学生さんたちとの共同作業の賜物です。心より感謝申し上げます。賞の推薦・選考に際して、貴重なお時間を頂きました先生方にも厚くお礼申し上げます。また、大震災で多くの学会が実質的に中止した中、不死鳥のごとく夏に大会を見事に仙台で開催していただきました大会委員の先生方にも心よりお礼申し上げます。

ゲノム微生物学分野の研究動向

微生物統合データベース MicrobeDB.jp の構築とその意義

黒川 顕

(東京工業大学大学院生命理工学研究科)

【微生物学におけるデータベース】

ライフサイエンス分野の研究において、知識の集積体であるデータベース (DB) は、知識の参照のみならず、新たな研究分野を切り拓く上で欠く事のできない極めて重要な研究基盤である。

微生物研究の歴史は古く、これまでに蓄積された知識は、分類学的情報、菌株保存情報にはじまり、各種オミックス情報、メタゲノム情報など多様かつ膨大なものとなっている。従来の微生物研究においては研究者の分野特異性が高く、自らの研究対象外に興味の範囲を拡大する機会が稀であったため、ゲノム情報の蓄積が進んだ現在でも、通常の微生物研究者が膨大なゲノム情報を横断的に活用する動きはあまり一般的ではない。しかし、新型シーケンサーの登場により、微生物のゲノム解析が比較的容易にできるようになったため、これまでゲノム研究と無関係であった研究者がゲノム解析を行うケースが増

えてきた。一方、ハイスループット機器により生み出される情報は膨大かつ多岐に渡っており、微生物学に革新的な進展をもたらす可能性を有しているが、個々の研究者・コミュニティが活用することは困難となっている。これはまさにDBシステムの問題であり、効果的な統合DBの構築によって、様々なデータが横断的に統合され容易に利用可能な環境になれば、例えば、これまで病原菌にしか興味が無かった研究者も、研究対象の微生物が他の環境中ではどのような挙動を示すのかといった幅広い情報を得る事ができ、その結果、従来の常識にとらわれない画期的な発見をもたらす可能性がある。

【バイオサイエンスデータベースセンターの発足】

上述したデータの細分化と分散化は、蓄積された情報が膨大かつ多様である微生物分野において特に顕著であるが、他のライフサイエンス分野においても状況は大同小異である。そこで、ライフサイエンス分野におけるDB統合化の拠点を形成し、DB利用者の利便性を高めるための情報技術の研究開発やサービスの開発を行うことを目的として、平成19年4月に大学共同利用機関法人情報・システム研究機構内に「統合データベースセンター (DBCLS)」が設立された。また、平成23年4月には、JSTに拠点を置くバイオサイエンスデータベースセンター

(NBDC)が発足し、ライフサイエンス分野におけるDB相互間のリンクを完成させた統合DBを構築しようとする動きが本格化している。NBDCでは、ユーザの視点に立った、使い勝手の良い、我国を代表するDBを目指すことが緊急の課題として認識されており、平成23年4月にライフサイエンスデータベース統合推進事業として、DBの統合化に向け「基盤技術開発プログラム」と「統合化推進プログラム」の2つのプログラムが開始された。前者は、DB統合化の実現に向けて基盤となる技術開発を行う事が目的で、DBCLSが中心となり開発を実施する。また、後者は、DBの分野別統合化または目的別統合化、ならびに散在しているDBの統合化を実現するものであり、微生物、植物ゲノム、ヒト脳疾患画像、パーソナルゲノム、メタボロームや糖鎖など、合計10課題が公募の上採択され、平成26年までの3年間で、DBの統合化を実施する。

【微生物統合DBの開発】

本事業において、筆者ならびに遺伝学研究所・DDBJの中村保一先生、菅原秀明先生、基礎生物学研究所の内山郁夫先生を中心として、研究課題「ゲノム・メタゲノム情報を基盤とした微生物DBの統合」が、平成23年度NBDC統合化推進プログラムに採択された。本研究開発では、ゲノム情報を核とし

て様々な微生物学上の知識を統合し、幅広い分野での微生物学の発展に資することのできる「微生物エンサイクロペディア」の構築を目標とする(図)。日本をはじめ世界中に散在している真正細菌・古細菌・バクテリオファージについてのゲノム、メタゲノム、トランスクリプトームなどの各種オミックス情報を徹底的に収集し、基盤DBを構築し、遺伝子、ゲノム、環境の3つの軸に沿って整理統合した上で、遺伝子機能、分類学的情報(16S含む)、菌株保存情報、表現型情報(病原性、環境)などの知識を整理し、ゲノム情報を核として統合する。特にいくつかのモデル微生物に関しては、研究者コミュニティからのハイレベルな知識を集約し、これを基盤DB上で遺伝子のオーソログ関係を利用して他の生物に関連させることにより、全体の高品質化を実現する。また、構築したDBシステムを幅広い分野の微生物学研究者に活用してもらうため、利便性の高いインターフェイスや相同性検索などの基本的な解析システムを提供することで、研究者コミュニティからさらなるデータの集積を図り、その有用性を加速度的に高めるシステムを構築する。

これらの開発目標を達成すべく、まずは研究基盤となる以下の6項目のDBから整備を開始する。

1: 分類学的情報、2: 菌株保存情報、3: モデル

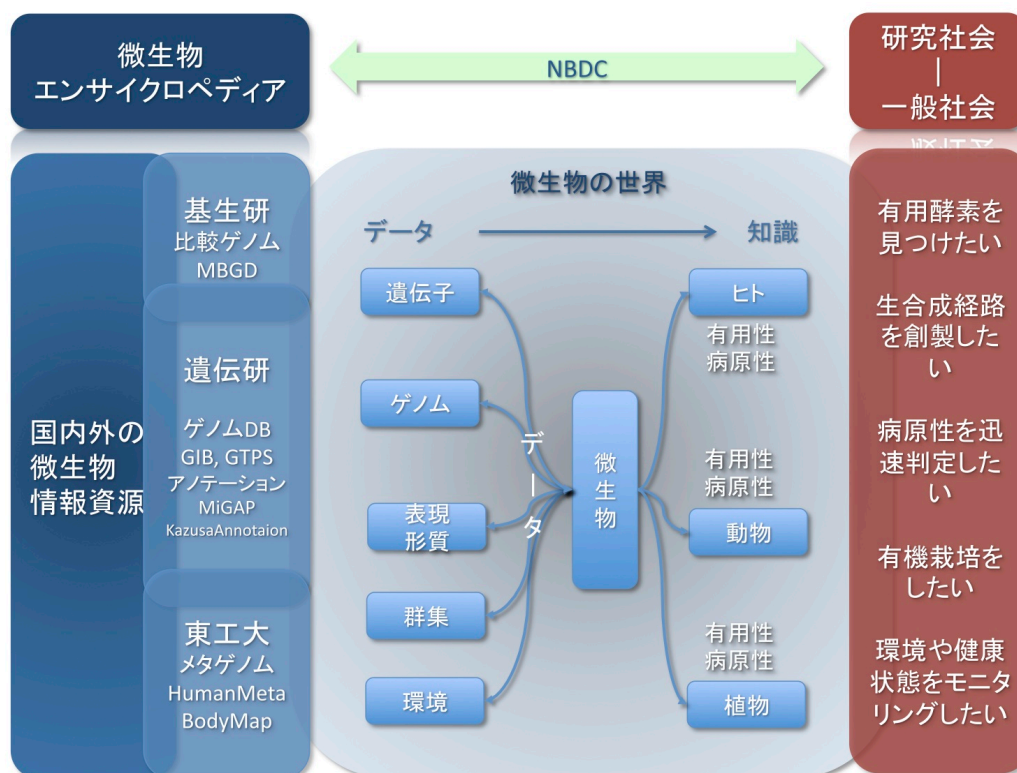


図1: 微生物エンサイクロペディアの概念図 セマンティックウェブの技術によって分散DBをシームレスに統合し、新たな知見の創出に結びつける。【作成: 菅原秀明氏】

微生物（大腸菌、枯草菌、シアノバクテリア、放線菌）における高品質データ、4：各種オミックスデータ、5：オーソログ遺伝子情報、6：メタゲノムデータ。これらのデータの多くについて既存のデータを充実させつつ相互に関連付けて統合していく。その際、それぞれが独立に開発されてきた経緯に鑑み、当面はIDレベルでの対応付けに基づく相互リンクで連携するが、RDF/OWL、SPARQLなどの急速に発展しているセマンティックウェブの技術を積極的に取り入れることにより統合化をはかり、全体を統一的に利用できるようにする。

本研究開発におけるDB構築は、モデル微生物のデータの高品質化、各種微生物のオミックス情報の収集、これらを統合するためのオーソログ遺伝子情報、メタゲノム情報および関連するシステム開発で構成される。中でもモデル微生物データの高品質化は、基盤部分を支える重要な要素であり、研究者コミュニティとの強力な連携が必須となる。そこで、上記の各モデル微生物の研究者で構成される微生物統合DBコンソーシアムを設置し、DBにハイレベルな知識を積極的に集積し高度化を推進したいと考えている。また、DBを利用し新たな知見を得るための解析システムの開発も進め、大規模なデータ生産者に本DBシステムを積極的に利用する価値を提供し、大規模データを集約する駆動力にする。

【微生物統合DBの展望】

本研究開発による、「微生物エンサイクロペディア」の構築は、微生物の体系的な理解を促進し、これまでの仮説検証型の研究のみならず、膨大なデータの中から新たな仮説を導くデータ駆動型の研究を進める事を可能とする。各実験機器の飛躍的なハイスループット化は今後ますます加速され、ゲノム研究やメタゲノム研究に代表されるデータ駆動型研究がいよいよ本格化すると考えられる。これまでブ

ラックボックス化していた微生物の生命システムを、統合化DBを利用したデータ駆動型研究により明らかにすることは、工業、農業、畜産業や医薬、健康など、微生物が関与する広範な産業にとって最重要研究課題のひとつとなり得よう。

微生物は極めて多様であり、「微生物エンサイクロペディア」の開発は3年間で完結するものではない。しかし、今回開発する基盤技術、ツール、コンセプトは汎用性の高いものであり、将来にわたって発展させていくことが期待できるものである。実際、データ生産技術の発展を考えれば、今後動物や植物においても同様に多様性の大きなデータに直面する可能性が高く、またDNA配列解析に依存しないプロテオームやメタボロームのデータについても、将来の技術革新により情報爆発を起こす可能性があるが、我々の開発するシステムは、将来的にそのようなデータをも取り込んで発展させていく可能性を含んでいる。

このような観点から将来を展望すれば、微生物だけではなく、植物や動物、タンパクやメタボロームなど、他の基盤DBとのさらなる統合化は、科学や産業の分け隔てなく生命分野の発展にとって極めて重要である事は容易に理解できる。日本も先頭に立って切り拓いてきたと言っても過言ではないゲノム科学は、現在欧米または中国に遅れをとっている感があるが、高品質なDBの統合化を基礎として新たな研究文化の創出を全世界に発信する事は、高度な文化を築いてきた日本の責務であると考えている。

以上述べてきましたように、我々研究グループは高い目標を掲げて微生物統合DBを構築していく覚悟であります。グループの中心メンバーはいずれも本学会の会員です。今後、多くの会員の皆様に、是非ともご指導、ご協力を頂ければと心よりお願い申し上げます。

大学院生として学会に参加して

生育の定常期で起こっていることを知る

岩館 佑未

(首都大学東京・大学院理工学研究科生命科学専攻・博士前期課程2年)

3月、ゲノム微生物学会に参加するために泊まる宿を探していたところ、足元が大きく揺れ始めました。その時は、これがまさかあんなに大きな地震なのだとは思いませんでしたが、その結果、第5回ゲノム微生物学会は中止となってしまい、私たちのために学会の準備をして下さっていた方々とも連絡がつかないというメールが届き、大変心配しま

した。しかし、その後皆様は無事であることが分かり安心しました。そして8月、中止となった学会の代りに開かれたワークショップで皆様とお会いすることができました。私にとっては人生初のワークショップであり、先生方や先輩方、同学年の方々はどのような研究をされているのか、たくさん刺激を受けたい、私のポスターにはどなたも来ていただけないのではないか、私の研究は面白いと思っていただけるのだろうかなど、いろいろな思いや不安を胸にして東北大学へと向かいました。

私は今、バクテリアの「定常期の生存を支えるシステム」にとっても興味があり、大腸菌を材料にして研究を行っています。私は、バクテリアの進化においては、増殖機構だけではなく定常期における生存機構、ストレス耐性機構がとても重要な役割をしてきたのではないかと考えていますが、その定常期についてはまだよく分かっていないことが多いように思います。そもそも「定常期」という言葉は細胞内の特定の生理的な状態により定義された言葉ではありません。定常期の細胞がどのような状態になっているのかも、まだよくわかっていないように思います。これまで定常期の生存機構についての解析が難しかった理由としては、定常期の細胞の状態をコントロールして綿密に解析しきれなかったこと、また細胞の状態の的確な理解が難しかったことがあるのかもしれませんが、しかし近年は、きちんと状態をコントロールした定常期での生存システムの研究が報告されてきています。定常期の生存を支えるシステムが複数存在していることが研究を難しくしている面もあると思いますが、その点を工夫すれば定常期の生存に関するシステムを解明することができて、とても面白いことがたくさん出てくるのではないかと考えています。

今回のワークショップでは、このように私にとってとても魅力的な、定常期における生存に関わる遺伝子についての研究成果をポスターで発表させていただきました。具体的な研究内容は、定常期でのメナジオン耐性に関わる遺伝子の探索とその解析です。一番ユニークなところは、機能的に重複する複数のシステムがある場合の解析に有効と考えられ



写真：大腸菌の生育の定常期では何が起こっているのでしょうか？

たくさんのプレートの生菌数を早くカウントするには、電卓を使うのがコツだということを学びました。

る、染色体を大規模に欠失させた株を用いているところです。データの量も十分とはいえず、提唱したモデルも苦しいところがありましたが、何人かの方が話を丁寧に聴いてくださいましたのでとてもうれしく思いました。いただいたアドバイスはどれも貴重で、これまでに考えていなかったこともいくつかありました。特に細胞の状態をきちんと理解できていなかったと感じましたので、今後調べていこうと思いました。

ワークショップで講演をされた先生方のお話を伺い、聴き手をわくわくさせるような研究成果を出せるように早くなりたいと思いましたし、懇親会ではいろいろな食べ物をたくさんいただきながら、先輩方や同学年の方々と将来やってみたい研究やそれぞれの研究室の様子などについてお話することができてとても楽しく過ごしました。初めてのワークショップは予想していた以上に刺激がたっぷりで、来年、東京の立教大学で行われる次回の第6回ゲノム微生物学会では、私の仕事についてもっとお話できるように、今まで以上に研究に力を注いでいきたいと思いました。

最後になりましたが、東北大学の津田先生、五味先生はじめ両研究室の皆様には、大変な状況の中、楽しいワークショップを開催していただきましてどうもありがとうございました。

ワークショップに参加して

石橋 蓉子

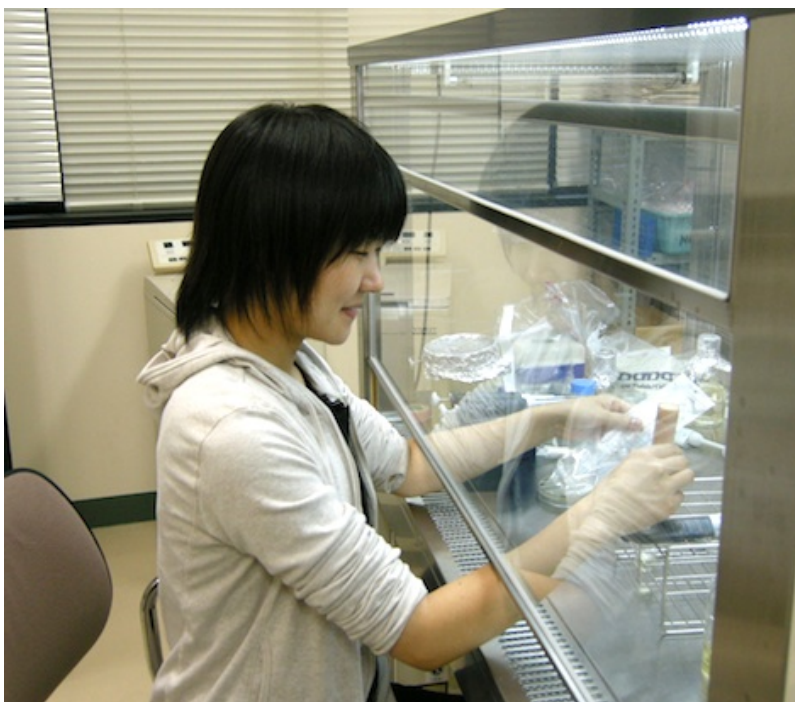
(東北大学・大学院生命科学研究科
生態システム科学専攻・博士前期課程
1年)

私は今回はアルバイトスタッフとしてですが、初めてゲノム微生物学会の集会に参加させていただきました。

東日本大震災により、本年3月に予定されていた第5回年会は残念ながら開催されませんでした。それに代わって、今回東北大学でワークショップが開催されることになりました。そのために、今年の4月に入学した私もこのワークショップに参加することができ、これまでゲノムとも微生物とも関係のない世界にいた私にとっては、ゲノム微生物学の最新の状況を知る良い機会となりました。

少し自己紹介をしますと、今所属している遺伝情報動態研究室は、他大学の学部や大学院を経て入学してきた大学院生が大部分を占めており、生物系はもちろん、化学系や物理系から文系の出身者に至るまで、幅広いバックグラウンドをもった学生が集まる環境にあります。私もその例に漏れず、ゲノムにも微生物にも触れることなく他大学を卒業し、この研究室に入ってきました。以前所属していた大学では、生態学や土木工学を基盤とした環境を包括的に学んでいました。授業で垣間見た微生物の存在や、その環境中での役割の大きさに魅せられて、現在の大学院を選びました。現在は、細菌ゲノムの土壌環境での発現解析というテーマで研究を進めています。今はいろいろな勉強をするとともに、スタッフの方々のご指導を仰ぎながら、研究を進める毎日です。門外漢の私に理想の研究を進めるチャンスと最適な環境を与えて下さった津田先生を始め、研究室の方々には本当に感謝しています。

ワークショップ初日は慌ただしく始まり、私の担当はポスター会場のセッティングだったので、一息つけたのはポスターセッションが始まってか



写真は土壌細菌*Burkholderia multivorans*を形質転換するためのプラスミドを導入した大腸菌を植え付けているところです。

らでした。気がつけばあちらこちらで活発な討論が交わされており、学会ならではのアカデミックな雰囲気味わうという、非常に貴重な機会を得ることが出来ました。せっかくの機会なので私も何人かのポスター発表者の方にいろいろ解説していただいたり、また、質問させていただきました。いい質問というのは知識がないとなかなかできないもので、こういった場で改めて自分の知識不足を痛感しました。あの時に丁寧に対応していただいた方々、ありがとうございました。この場を借りてお礼申し上げます。また、盛り上がった雰囲気の中で多くの方々と知り合うことができました。研究の話や研究と生活の両立の話などなど、他の大学や企業で研究に従事している方や、他大学の私と同じ修士課程に所属する方の話は非常に新鮮でした。また、多くの方々の話を聞くうちに、研究を「もっとがんばらなきゃ！」と思う気持ちがさらに強くなりました。

まだまだ研究する身としては未熟ではありますが、今指導して下さっている先生方や、この研究を進めてきた前任者の方々、そして自分のためにも、今あるテーマを頑張って進めていきたいと思っています。そして、来年3月の年会ではぜひ発表者として参加できたらと考えています。

男女共同参画アンケート

8月20-21日に仙台で開催されたワークショップで、全参加者を対象に標記のアンケートが実施されました。その結果、参加者のうち58名（男性46名、女性12名）の方々がアンケートに回答し、この問題に関する会員の動向の一端が明らかになりました。アンケート結果は実施委員である有田幹事および漆原・佐々木両評議員、ならびに、今回のワークショップを機に形成された本問題についてのワーキンググループのメンバーの方々によって詳細にまとめられ、近々学会のホームページに掲載される予定です。以下、このアンケートによって浮かび上がってきたいくつかの点についてその概要をまとめます。

1. 一般に、研究者にとって、研究を遂行することと子育てをすることとの両立はかなりの困難を伴うことであり、また年配の会員の方はそれを身をもって経験してこられたと思います。「子供を持つことを躊躇するか（したか）」という設問に対して、男性回答者の半数はしない（しなかった）と答えていますが、女性回答者の3/4強の方は「躊躇する（した）」と回答しています。ここに現在の会員を取り巻く状況（男女差）が表れているようです。

2. 似たような男女差は育児休業の利用（将来の利用を含む）にも表れ、女性の回答者のほとんどが「利用する（したい）」と回答しているのに対し、男性の半数は「利用しない」と回答しています。

3. 育児支援のあり方については、男女に差はなく、「業績評価における対応」と「職場の理解・雰囲気」を重要と考える意見が寄せられました。

4. 子供の世話を誰がするかという問には、男性会員の回答者の過半数が「家族」と答えていますが、「自分自身」という答えも16%ほどあります。これに対して、女性の回答者のほとんどは「自分自

身」と回答しています。

5. その結果を反映して、女性研究者の過半数が研究時間が30%以上減少したと回答していますが、男性では約半数が10%あるいはそれ以下と回答しています。

6. 出張時の育児や子供の病気に対する肉体的・精神的な負担については、男女の別なく多くの回答者が研究と育児の両立を図る上での大きな問題点だとしてあげていますが、女性の回答者の多くは、それに加えて、夕方に会議を行なうなどといった「職場の理解不足」を問題点としてあげています。もちろん、男女の回答者とも、研究時間の減少を問題点としてあげていることは言うまでもありません。

7. 育児支援のために望む方策（施策）として、多くの方が「代替研究員の雇用」（そのような制度を実現することは大変だと思いますが）を希望しており、研究費の増額がそれに次いでいます。ただし、残念ながら今回、女性の参加者でこの設問に回答した人はありませんでした（男性の回答者は31名）。その理由として考えられるのは、前後の流れから、この設問が任期付きの研究者の上司としての経験を持つ人を対象としたものであると誤解した人が多かったのではないかとことです。

以上の他、ポストドクや任期付き研究者の雇用と結婚、あるいは介護の問題等についてのアンケートも行われましたが、これらについてはここでは割愛させていただきます。詳細は、後日学会のホームページに掲載される予定の「まとめ」をご覧ください。

なお、アンケートについての責を負う有田幹事は、今回行ったアンケートの問題点として、末尾部分の設問に対する回答者が前半に比べてかなり減ってしまっていることを指摘し、アンケートの設問の順序や全体の流れをもっと詳細に検討する必要があるのではないかと感想を述べています。今後に残された課題でしょう。

第6回日本ゲノム微生物学会年会のお知らせ

第6回日本ゲノム微生物学会年会を2012年3月10日～12日の3日間、東京・池袋の立教大学池袋キャンパスで開催することになりました。会場 (<http://www.rikkyo.ac.jp/access/>) はJR池袋駅から歩いて約12分と便利な場所に位置しております。

主な研究トピックスは以下の通りです。

- ・新規微生物ゲノム配列の決定と解析
- ・微生物ゲノムの機能・進化の情報学的研究
- ・微生物ゲノム・遺伝子システムの機能解析
- ・ゲノムを基盤とした微生物の有用活用の研究
- ・微生物ゲノムと細胞の動態の研究
- ・メタゲノム研究、環境微生物研究
- ・ゲノムを基盤とした病原性の研究

第6回年会では、国内外の先生方による特別講演を数題予定しております。また、若手研究者育成の一環として、ポスター発表予定の大学生・院生を対象に3分程度の口頭発表の機会を設けます。

なお、第6回年会参加登録用ホームページは2011年11月中旬を目処に立ち上げる予定であります。

世代を超えて活発な議論ができ、とくに若い研究者の方に希望と情熱が湧き上がるような会になり、参加される皆様の心に残る年会の一つになればと思います。



※ 微生物を対象としてゲノムを基盤に研究に携わっている、あるいは関心をお持ちの多数の皆様のご参加をお待ちしています。【第6回日本ゲノム微生物学会会長 河村 富士夫（立教大学理学部生命理学科）】

学会の現況

学会役員（敬称略）

会長：小笠原直毅

庶務・会計幹事：林哲也、吉田健一 集會幹事：有田正規、大西康夫 広報幹事：有田正規、黒川 颯、大西康夫 男女共同参画：有田正規

評議員（会長推薦を含む）：穴澤秀治、飯田哲也、池内昌彦、石浜明、磯野克己、板谷光泰、大森正之、久原哲、小林一三、五味勝也、高見英人、田畑哲之、津田雅孝、服部正平、藤田信之、別府 輝彦、吉川寛、跡見晴幸、漆原秀子、北川正成、佐々木裕子

会計監査：饗場浩文、倉光成紀

会員の動向

全会員数 488名（平成23年 9月 27日現在）

正会員 354名；学生会員 103名

賛助会員 29 団体；機関会員 2 団体