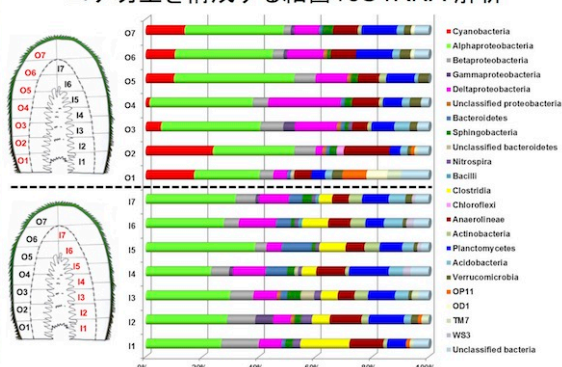


日本ゲノム微生物学会 ニュースレター

南極大陸のコケ坊主生物圏 馬場 知哉 (情報・システム研究機構／新領域融合研究センター)



コケ坊主を構成する細菌16S rRNA 解析



南極大陸は約1億5千万年前のジュラ紀にはアフリカ大陸などと共にゴンドワナ大陸の一部を形成しており温暖な気候でしたが、大陸移動に伴って寒冷化し、約1,400万年前には大陸全土が氷床に覆われたと推定されています。平均気温は内陸部で -54°C (ドームふじ基地)、沿岸部でも -10°C (昭和基地)と地球上で最も寒冷であり、乾燥、強い紫外線、特殊な日照条件など、生物の生存には厳しい環境です。南極大陸の生物圏としては沿岸部で夏季にのみ出現する露岩域の湖沼環境があり、冬季でも凍結しない水深(約2m以上)で、夏季に太陽光が届く範囲の湖底に藍藻マットが発達することがあります。昭和基地に近い宗谷海岸の湖沼で、湖底の藍藻マットから塔状に立ち上がる「コケ坊主」(moss pillar)の存在が1995年に日本の南極観測隊によって発見されました。これは世界でもこの地域でしか見られないユニークなものです。コケは主に*Leptobryum*属で構成され、一部で*Bryum*属が混在することが報告されていますが、これらのコケの同属種は他の大陸では陸生です。コケ坊主は大きいもので高さ80cm程になり、同位体分析から成長には約1,000年かかると推測されています。rRNAの解析により、外層はシアノバクテリア、内層は嫌気性のグラム陽性細菌、菌類、繊毛虫、クマムシ、線虫などの多様な生物相で構成されており、その6割以上が新属・新奇系統群で、独自の進化を遂げてきた生物群であることが示唆されます。

【地図・写真：伊村智博士(国立極地研究所)、図：中井亮佑博士(国立遺伝学研究所)】

第3期評議員会議長就任にあたって

～本学会をより魅力的な情報交換
の場とするために～



宮崎大学
林 哲也

今年から日本ゲノム微生物学会は、小笠原会長をトップとする第3期の役員体制で運営されています。評議員会のメンバーも大幅に入れ替わり、本学会が新たなスタートを切った感がありますが、その中で、第1期と第2期の磯野議長を引き継ぐ形で、今期は私が学会の評議員会議長の役目を務めさせて頂くことになりました。言うまでもなく、評議員および評議員会の役割は、会員の代表として、執行部とともに本学会の円滑な運営と更なる発展に貢献することです。今回、議長としてニュースレターに原稿を書かせて頂くことになりましたので、この機会を利用して、学会の発展について少し考えてみたいと思います。

学会の発展とは、一般的に言えば、より魅力的な学会となり、その研究分野の発展に寄与することであり、結果として、より多くの面白い研究が生まれ、会員数も増えることのように思います。しかし、そもそも「学会の魅力」は各々の学会の置かれている状況によって異なり、簡単には一般化できるものではありません。本学会について考えてみますと、5年前に発足した本学会はまさにまだ発展途上の若い学会です。また、ゲノム科学自体が発展途上の研究分野です。この点は、新型シーケンサの登場

と急速な性能向上によってさらに鮮明となってきました。

一方で、本学会はゲノムという共通のキーワードのもとに、理学系などの基礎研究から医学・農学などの応用研究まで、様々な既存分野の研究者が参加したユニークな学会です。情報系研究者が実験系研究者に混じって大きな存在感を示すという点でも、あまり他に類を見ない学会のように思います。このような本学会の特徴を考えると、日本ゲノム微生物学会の大きな魅力は、急速な変化が続く国内外でのゲノム研究の流れ（ゲノム関連の研究資金や大型プロジェクト等に関する情報も含む）や技術的な進歩（次世代シーケンサを使った新しい解析手法、シーケンサ自体の進歩や関連した情報処理技術の進歩など）に関して、既存の研究分野の枠を越えた情報交換をいち早く行えること、また、その中から分野を超えた共同研究が生まれるチャンスが非常に高いことではないでしょうか。こういった魅力が十分に発揮されるためには、会員からの情報や要望が学会運営にうまく反映されることが必要であり、評議員会は、そうした情報や要望を各評議員を通じて収集し、それを学会執行部と共有する場であるのではないかと思います。

最近、学会の中での情報共有という点で、もう少し学会として積極的に関与できたのではないかと後悔する出来事がありました。来年度の科研費に申請された方は既にご存知のように、今年度は10年に一度の科研費の制度改正が行われ、研究分野や細目に大きな変更がありました。この中で、旧「ゲノム科学」の中の「応用ゲノム」は解体され、この細目の中に含まれていたキーワードは様々な分野・細目に分散してしまいました。これまで、この細目で比較的多くの微生物ゲノム関連課題が採択されてきていますので、本学会の会員へ影響は大きいと思います。調べてみると、この改正作業は2年前から始まっており、平成22年と23年の2回にわたって、個人あるいは研究者コミュニティとして意見を述べる機会があったことがわかりました。こういう重要な情報が学会の中で共有できず、研究者コミュニティとしてのアクションを起こせなかったことを非常に残念に思うと同時に、前執行部の一員として責

任も感じます。科研費に関しては、次の改正を待つ必要がありますが、純粹に研究面だけでなく、こうした事柄に関しても、情報収集の場として評議員会がうまく機能できたらよいと考えています。

いずれにしても、本学会は会員数がまだ500名弱であり、会員の声を学会運営にダイレクトに反映させやすく、会員が一緒になって学会、そして我が

国の微生物ゲノム科学を発展させることが出来る面白さもあります。本学会が、より魅力的で役に立つ学会、すなわち、本学会がより有意義な情報交換の場となり、我が国の微生物ゲノム科学がさらに面白いものとなるよう、評議員会議長として最大限の努力をしていきたいと思いますので、評議員と会員の皆様の御協力をお願いいたします。

ゲノム微生物学分野の研究動向

大量シーケンス時代の データアーカイブ

中村 保一

(国立遺伝学研究所・大量遺伝情報研究室)

NGSは一般には Next Generation Sequencer のアクリニムとされているが、これらのシーケンサーはすでに広く普及活用されている「現世代」の機器なのでこの呼称には違和感がある。そのため筆者は「新型シーケンサー」と呼ぶことを提案している。これなら、英語表記を New Generation Sequencer とすれば、広く使われているNGSを変更することなく使うことができる。

はじめに

サンガー法によるゲノム解析が本格的に開始されてから20年あまり。ゲノム解析によって生物学の研究方法は大幅に様変わりし、それまでの実験が主流であった状況から、直接・間接にゲノム情報を利用したものへと移行している。それとともに、ゲノム情報を蓄積・共有して利用するための公共データベースの果たすべき役割もますます重要になっている。さらに最近では、いわゆる次世代シーケンサー (Next Generation Sequencer ; NGS) が導入され、従来のゲノムDNAを中心とした解析のあり方も、メタゲノム解析とか、トランスクリプトーム解析などに広がりを見せている。そこで、NGSから生み出されるデータに対する公共データベースの取り組みを中心として、公共データベースの現状や今後のあり方について私見を述べる。

1. 日本DNAデータバンクとSRA

日本DNAデータバンク (DNA Data Bank of Japan; DDBJ) は、国際塩基配列データベース協力体制 (INSDC: International Nucleotide Sequence Databank Collaboration) の一員である (図1)。塩基配列を決定した研究者はINSDCを構成する三機関、すなわち、日本のDDBJ、欧州のEMBL-Bank (EBI)、および米国のGenBank (NCBI) のいずれかを通じて塩基配列データを登録することにより、INSDCのすべてのデータバンクからデータを公開することができるようになっている。

Sequence Read Archive (SRA) は、2007年に米国のNCBIが開始したNGS由来データのアーカイブである。当時NGSのリード長はサンガー法のそれに比べて極端に短いものであったため、開始当初は Short Read Archive という呼称を用いていたが、後に現在の名称に変更された。DDBJは NCBI-SRAへの代理登録窓口としてSRAに貢献していたが、2009

年の国際実務者会議でSRAをINSDCの枠組みに追加することが決定され、国際連携による運用が開始された。DDBJのSRA部門である DDBJ Sequence Read Archive (DRA) は、ライフサイエンス統合デ

ータベースプロジェクトの資金の支援によって初期の開発を行い、現在はDDBJの事業として運用が行われている。このSRA登録データを検索するには、**DRA Search** (<http://trace.ddbj.nig.ac.jp/DRAsearch/>) が便利である。この検索サイトはSRA全体を検索することができ、利用者からNCBIでの検索よりも高速で使いやすいとの評価を得ている。

2. SRAの現状

伝統的なINSDCの塩基配列データはデータとメタデータを同じファイルに収録した「フラットファイル」の形式で提供されているが、SRAは配列データと別にXMLファイルでメタデータを記述する形で保管・公開されている。メタデータを記述する規格はINSDCの3機関で共通に制定しており、ファイルはSubmission, Study, Sample, Experiment, Run の5種類のファイルからなる。以下にメタデータから分析したSRA登録データの特徴をいくつかの角度から紹介する (2012年初頭時点に集計された <http://trace.ddbj.nig.ac.jp/dra/> の統計情報)。

NGSのプラットフォーム別の登録データ量の推移を図2に示す。解析パフォーマンスの着実な伸びと普及率を反映して、Illumina 社製シーケンサーに由

来するデータが2010年第二四半期より大幅な伸びを示している。図3には登録受付機関毎の公開データ量を示すが、残念ながらDRA (DDBJ SRA)からの登録データは現在にいたるまで極めてわずかに留まっていることがわかる。これは、後述のとおり、定量的解析情報を登録するためのGEOならびにArrayExpressに相当するデータベースがDDBJにはないことから、登録に二度手間がかかることで

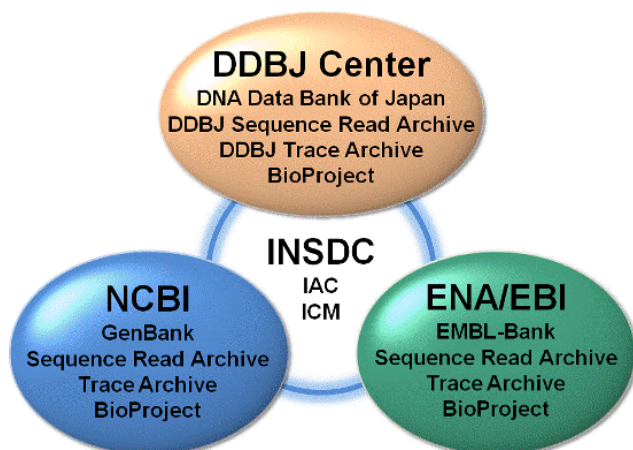


図1. INSDC体制図

DDBJ, GenBank, EMBL-Bankはそれぞれ伝統的な塩基配列データバンクであり、SRAはNGSの、Trace Archiveはサンガー法の、それぞれ生データをおさめるアーカイブである。昨年度よりプロジェクト情報をおさめるBioProject (かつての NCBI Genome Project DBを拡張したもの) がこれに加わった。図中のIACは国際諮問委員会、ICMは国際実務者会議であり、それぞれほぼ毎年開催されている。

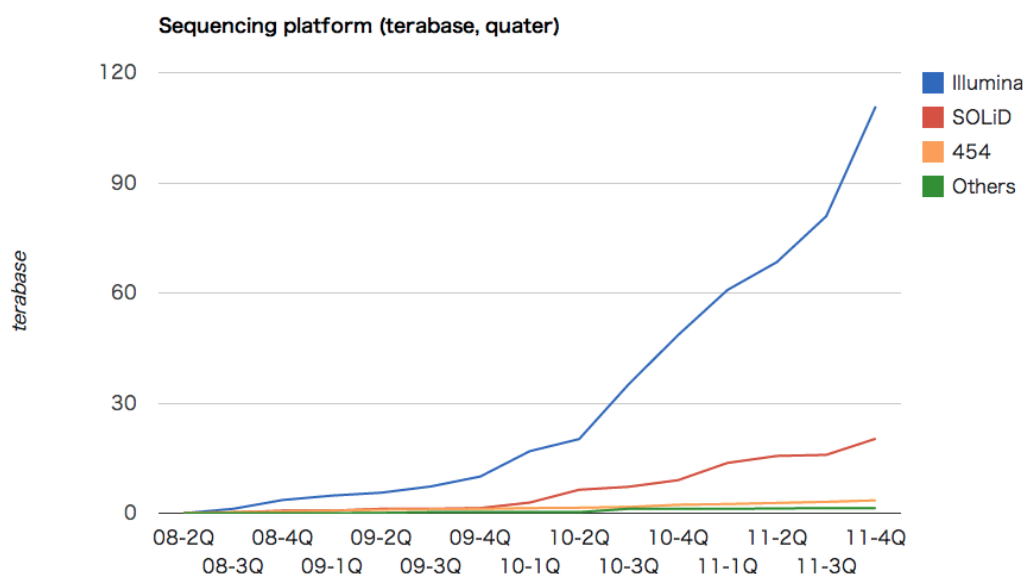


図2. 配列決定プラットフォームの登録データ量の推移

メタデータに記載された配列決定装置の情報から、SRA全体におけるIllumina社製シーケンサー由来のデータ量は2010年第二四半期から大幅に伸び、2012年初頭で119.4 Tb (82.1%)、SOLiD由来のデータが20.4 Tb (14.0%)、454由来のデータが3.6 Tb (2.4%)、その他のシーケンサー由来のデータは2.1 Tb (1.4%) であった。【Tb = terabase】

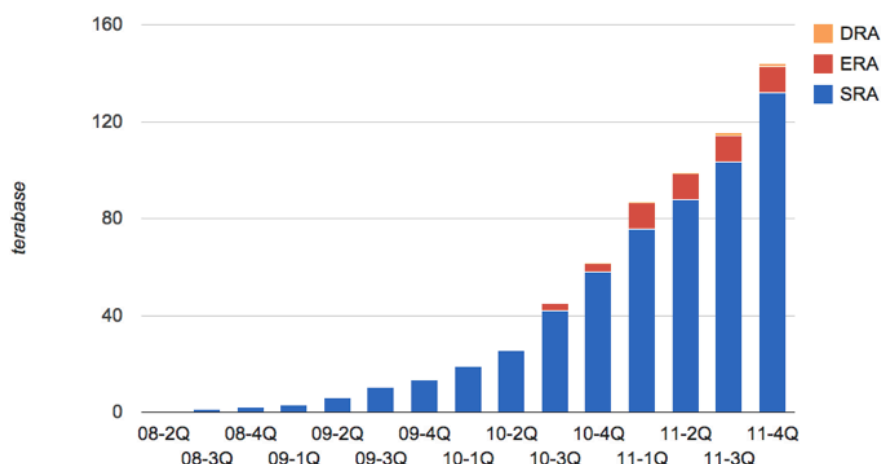


図3. 登録受付機関毎の公開データの量の推移

2011年の第四半期の公開データ量では、SRA (NCBI) 125 Tb, ERA (EBI SRA) 13.5 Tb, DRA (DDBJ SRA) からの登録データはわずか 1.0 Tbであった。

敬遠されること、また我が国の研究者が配列データを公開せずに保持している期間が海外の研究者に比べ比較的長いといった要因が考えられる。DDBJ としても解析系の提供によってデータ解析を支援することや、DRAの周知を図ることなどを通じて一層のデータ公開を促進していく必要があると考えている。図4は登録機関ごとのSRAデータ量比である。SRA登録データの多くは大規模シーケンスセンターから登録されているものであることがわかる。図5は生物分類群ごとの登録データ量比の推移を示す。

SRAの立ち上げ

当初はヒトの

NGSデータがほ

とんどであった

が、次第に多くの

生物種の研究

にNGSによる大

量配列決定技術

が用いられるよ

うになってきて

いることがわか

る。特に環境サ

ンプルが無視で

きない比率を占

めていることは

本学会会員には

興味深いものが

あるだろう。図

Submission group (terabase)

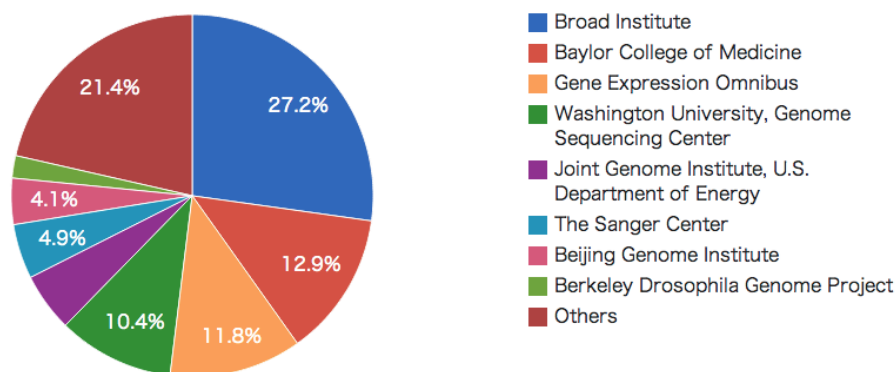


図4. 登録機関ごとのSRAデータ量比

SRA登録データの大部分は大規模配列決定機関から登録されたものである。図中 11.8%のGene Expression OmnibusはNCBI GEOからSRAへの代理登録である（この経路があることによって登録者は生データと解析データを容易に同時登録できるようになっている）。

6は Study XML に記載された研究の種別によるデータ量比を示す。NGSは様々な実験用途に用いられているが、今のところ全ゲノムシーケンス (Whole Genome Sequencing) を目的とした取得データが全体の4割を占めている。

3. DDBJ SRA (DRA) の周辺サービス

我が国の生物学者が得たNGSのデータはDDBJの SRAに、それらをアセンブルし得られたゲノム塩基配列は従来のDDBJのデータバンクへの登録をお願いしているが、RNAseqに代表され

る定量データをおさめるデータベースとして多くの科学雑誌に認められているアーカイブ、すなわちNCBIのGEOおよびEBIのArrayExpressに相当するサービスがDDBJには存在しない。そのため、これまでそうしたデータを登録するユーザには、生データはDRAに、解析情報はGEOかArrayExpressに登録するよう促していた。この方法はユーザにとって登録に関わる手間が二重となるため負担が大きく、それに対する不満が寄せられていた。この問題を解決するために、われわれはArrayExpress互換のフ

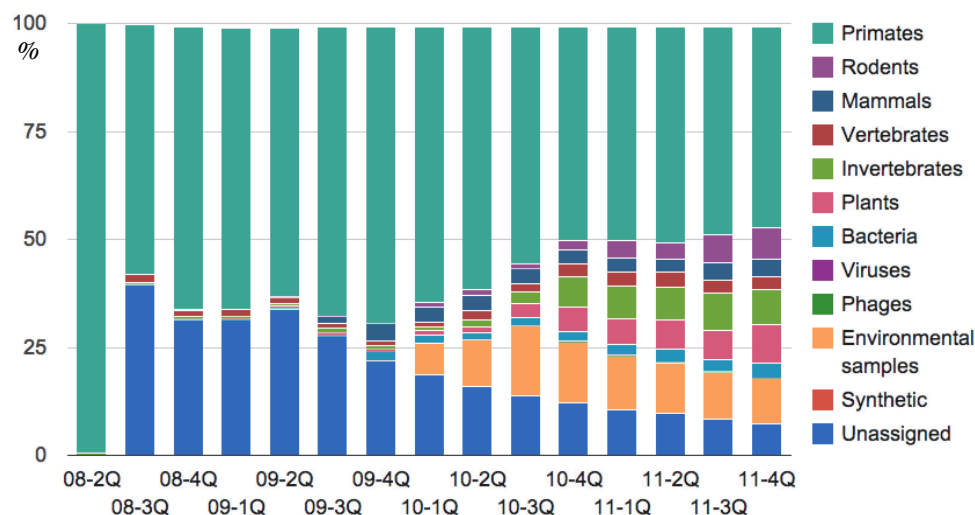


図5. 生物分類群ごとのSRAデータ量比の推移

SRA開始時点ではほぼヒト由来配列の霊長類 (Primates) データであったが、2010年頃から環境由来サンプルを含む種々の生物種解析配列の比率が増加してきている。

ファイル形式を用いることにより、相互にデータ交換が可能なアーカイブとなる DDBJ Omics Repository (DOR) の立ち上げを予定している。予算の制約等から開始が遅れているが、2012年度中に開発に着手し、早期に登録受付システムを提供する予定です。

NGSによる配列決定のコストは日を追うごとに低くなってきており、そのため無計画にシーケンスをしてしまい、大量の配列は得られたものの適切な解析ができないまま放置されたり、あるいは間に合わせの解析で発表しようとするような状況に陥りやすい。そのような状況に対処するため、新型シーケンサー由来の塩基配列データに対して頻繁に行われる定型的解析、アセンブルやリファレンスへのマッピングなどによる基礎的な処理とそれに続く多型検出

や発現量解析等の処理をWWWのインタフェースで容易に実行できるサイトを開発し、DDBJリードアノテーションパイプラインとして提供している (<http://p.ddbj.nig.ac.jp>)。また微生物ゲノム塩基配列のアノテーション作成パイプライン MiGAP (<http://www.migap.org/>) はライフサイエンス統合データベースセンターで公開されていたサービスであるが、現在は遺伝研のスーパーコンピュータを利用することのできる方法で運用しており、将来的にはこれらを連続実行できるよう接続し、NGS由来の大量塩基配列解析のうち、定型的なフローについては利用者の技能によらずバラつきなく解析できる支援サービスとしてDDBJから提供したいと考えている。

Study type (terabase)

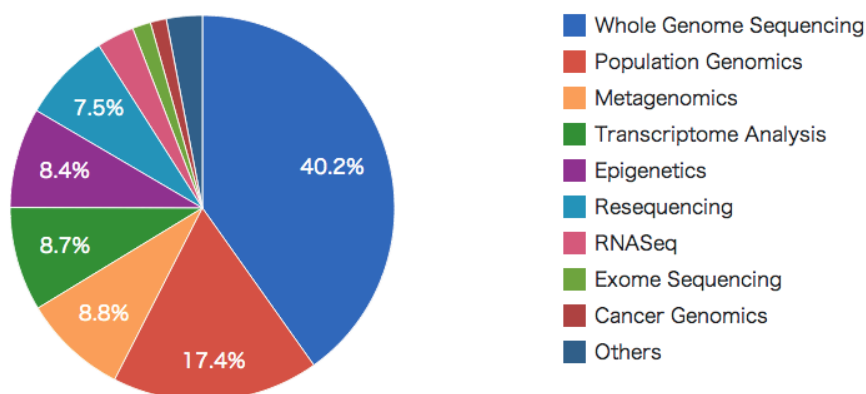


図6. 研究タイプによる SRA データ量比

Study メタデータに記載された研究タイプによる分類である。全ゲノムシーケンス (Whole Genome Sequencing) が全体の4割を占める。

第6回日本ゲノム微生物学会若手の会研究会

島田 友裕

(東京工業大学・資源化学研究所)

2012年9月27-28日に、静岡県の労働金庫研修所富士センターにて「第6回日本ゲノム微生物学会若手の会研究会」が開催されました。本研究会は、微生物学研究の次世代を担う若手研究者の交流と情報交換を目的として結成されました。ゲノム研究をはじめとする様々な分野の微生物学研究者が集まり、お互いに研究の背景、基盤技術、研究データ等を紹介し、活発に議論し合うことで、知識の向上や新たな研究者ネットワークの構築を行っています。



毎年9月下旬頃に開催しているこの研究会で、私が世話人を担当させていただいてから今年で3年目になり、今年度は世話人代表を務めさせていただきました。毎年徐々に参加者も増加しており、また今回は半数近くが新規の参加者であったこともあり、新たな研究ネットワークが構築できました。参加者数は全68名で、社会人が37名、学生が31名でした。発表はいずれも口頭で行われ、招待講演が2件（発表時間40分）、一般発

表が30件（15～20分）、またランチョンセミナーが2件（計60分）行われました。招待講演は世話人5名からの推薦により、斎藤菜摘博士（慶應義塾大学）による「メタボロミクスによる微生物代謝メカニズム解明に向けたアプローチ」と井上謙吾博士（宮崎大学）による「廃棄物処理と発電を同時に行う微生物燃料電池」の題目で行われました。お二方とも本研究会へは初参加で、これまでの研究会ではあまり議論されてこなかった分野の研究内容について議論することができ、非常に良い刺激となりました。

一般発表のうち19題が学生の発表であり、若手の会らしさがありましたが、研究内容や質疑応答はそのほとんどがしっかりとした活発なものでした。萌芽的な研究紹介に対する質疑応答では有意義な議論が行われ、今後の発展に役立つ良い機会になったことと思います。全体を通して内容はゲノム微生物学の研究に止まらず、垣根を越えた様々な分野の発表が行われ、質疑応答時間ではいずれも活発な議論が行われました。研究対象となっている微生物種は多岐にわたっており、発表タイトルから見ても、大腸菌、枯草菌、酵母、放線



菌、緑膿菌、ビフィズス菌、糸状菌、歯周病原性細菌、微細藻類、シゾン、ファイトプラズマ、ウイルス、また細菌叢など、それぞれの微生物の特徴を活かした研究成果が報告され、興味深く勉強になるものが多くありました。

ランチョンセミナーは「デスクトップ型次世代シーケンサーMiSeq が微生物ゲノム研究に与えるインパクト」と「ゲノム解析クラウドサービスGiNeSによる微生物の変異比較解析」の題目で行われ、次世代シーケンサーを用いた最新の技術と解析手法を学ぶことができました。夜には交流会が行われ、深夜（早朝？）まで、各々の立場や専門分野に捉われずに、分野を越えた若手の会らしい活発な議論や交流が行われました。さらに、運営にあたって、昨年から研究会の開催にあたり協賛金を募っており、今回は11社の企業から協賛が得られました。また今年度は日本ゲノム微生物学会からの後援もいただきました。これらの支援により、費用（参加費、宿泊費、食費、交流費を含む）を社会人は8,500円、学生は4,000円に抑えることができ、参加しやすい会にする事ができました。

今年も皆様の御指導・御協力により有意義な会になったと確信しておりますが、今後も本研究会は様々な分野から微生物の本質にアプローチしている研究者の集いとして、微生物を対象としたゲノムを基盤に携わる、あるいは関心をお持ちの多数の研究者にとって有意義な会であり続ける事と思います。ぜひ一度、若手の会研究会のホームページに足を運んでいただき、プログラムや参加者、また会の雰囲気をご覧いただければ幸いに思います。来年度も今年度同様の時期・場所での企画を考えています。これからも皆様と若手の会研究会の会場で、活発な議論を行えることを楽しみにしております。

会員の皆様には、下記の日本ゲノム微生物学会若手の会研究会のホームページをご覧いただき、われわれの活動にご理解とご支援をお願いします。

<http://adgimptw.ddo.jp/~wakate/MicroWakate/home.html>



大学院生として学会に参加して

ヒトの腸内細菌叢のメタゲノム解析

西嶋 傑

(東京大学・大学院新領域創成科学研究科
情報生命科学専攻・修士課程2年)



私は今回初めて日本ゲノム微生物学会の年会に参加させていただきました。この年会が私にとっての初めての発表（ポスター、ショートトーク）だったため、会場の立教大学に着いた時から少し緊張していたことを覚えています。ただ自分の発表がどう受け入れられるのかという心配もありましたが、少し楽しみでもありました。

私はヒトの腸内細菌叢を、メタゲノム解析という手法を用いて研究を行っています。メタゲノム解析は、環境中の細菌を単離培養など行わず、抽出したDNAを網羅的にシーケンスする手法であり、ここで得られる大量の塩基配列情報を用いて、対象となる生態系のシステムや機能を理解することを目的としています。しかし、メタゲノム解析では膨大な量のデータが得られるため、そこから意味のあるデータを取り出しまとめることは容易ではありません。数百万の予測される遺伝子の塩基配列および遺伝子産物のアミノ酸配列の比較やその結果の解釈など、大量データの扱いに不慣れな私にとってはどれほど大変な作業であり、毎日試行錯誤しながら研究を

進めています。ただ、その大量のデータ中には、今まで知られていないさまざまな情報が眠っていると考えられるため、新しい知見をどのように得るのかといった点に非常にやりがいを感じています。単に機械的に解析を行うだけでは漠然とした結果が得られるだけですが、しっかりとした目的を持ち、少し違った観点からデータを解析することで、非常に興味深いデータが得られると思います。私は現在日本人の腸内細菌叢から得られたデータを扱っていますが、腸内細菌叢の全体像の解明に加え、細菌叢やその機能の形成機構にも興味があります。どのようにそれぞれの細菌が環境へ定着して細菌叢が形成されてきたのかという、腸内環境における細菌叢と機能の進化的背景を、メタゲノム解析ならではの大量の遺伝子およびその配列情報を用いて明らかにすることが現在の私の目標であり、そのために日々研究に取り組んでいます。今回の年会での発表も、それらの解明のための第一ステップとして、異なる人種間での腸内細菌叢の遺伝子組成の比較という内容で発表させていただきました。

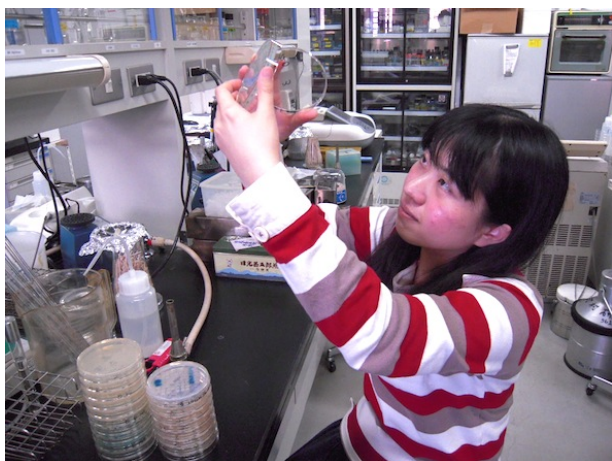
年会の3日目がその自分の発表の本番であり、緊張して臨んだのですがなんとか無事終了し、ほっとしました。ショートトークは短い時間ながらも、大勢の人の前で発表するという良い経験となりましたし、ポスター発表では分野の異なる方から多くのご意見やご指摘をいただきました。やはり学会で発表し、様々な観点からフィードバックをもらうことができるということは、自分の研究にとって非常に有意義な機会だと改めて感じました。また、今回ショートトークに加え、海外留学した方の招待講演もあり、学生や若手研究者に向けた試みが充実していたと思います。日本ゲノム微生物学会自体が誕生して間もない学会であり、若手研究者の育成を必要視していることかもしれませんが、私は多くのことを学ばせていただくことができたので、今後もこのような機会を設けていただけたら嬉しく思います。

年会の期間を通して改めて自分はまだまだ未熟で、周りの方から多くのサポートを受けている身だと感じたのですが、少しずつでもいいのでしっかりと研究者としての道りを歩いていきたいと思っています。

第6回ゲノム微生物学会年会に参加して

難波 恵理

(立教大学大学院・理学研究科 博士前期課程2年)



バクテリアのタンパク質合成装置であるリボソームは、5S、16S、23Sの3種のrRNAと多数のタンパク質により構成されています。ほとんどのリボソームタンパク質の遺伝子はゲノム上に1コピーですが、rRNA (*rrn*) オペロンは通常複数あり、枯草菌では10コピー存在します。そのためにこれまではrRNA遺伝子の変異の解析は難しかったのです。しかし、当研究室にはrRNAオペロンが単一である変異株や、変異を持つリボソームの翻訳活性を特異的に測れるシステムがあり、rRNA内の変異の影響を観察できます。そこで私は、翻訳活性や、枯草菌の特徴の一つである胞子形成能に影響を与えるようなrRNA変異体を単離することを目的として研究を進めてきました。

まずはじめに単離できたのは、リボソームに作用する抗生物質に対する薬剤耐性変異体です。野生株ではリボソームタンパク質遺伝子の変異しか分離できませんが、*rrn* オペロン単一保有株を用いることで高頻度でrRNA遺伝子のいろいろな位置に薬剤耐性点変異をもつ株を分離できました。これで、*rrn* オペロン単一保有株の効果が確認できました。

今年の3月に立教大学で開催された第6回ゲノム

微生物学会年会では、胞子形成期に母細胞のリボソームが分解されていくという先行研究を踏まえて、胞子形成期のrRNAの分解を抑制する16S rRNA変異体の分離を試み、発表しました。そのために、複数の*rrn* オペロンをもつ株で、変異をもったリボソームの翻訳活性を特異的に測定できるようにした系を利用しました。ポスターセッション中は人が途切れることのない大盛況だったのですが、変異株の分離が完了した時点での発表でしたので、見に来て下さった方の関心はリボソームの活性に関する内容が主でした。私は翌日に先輩が発表する内容を代わりに答えるはめになりましたが、自分のポスターに載せる以上、自分のテーマの一部として把握しておかなければならないと実感しました。また、立体構造や転写後修飾の観点から、rRNA配列の改変の難しさを指摘してくださる方もいらっしゃいました。

年会後に、変異を生じたりリボソームの翻訳活性を上記述べた系を用いて測定したところ、保存性の高い領域を改変した株のほとんどが活性を失っていることがわかりました。rRNA遺伝子には、生物間で広く保存されている配列もあれば、同一種内に複数存在する*rrn* オペロン間でさえも異なっている配列もあります。個々の配列の影響は解明されていないことも多々ありますので、今後得られた変異株のリボソーム活性の測定により、少しでも明らかにしていきたいと思っています。

学会に参加するために自分のデータをまとめてみると、なんと結果の出ていないことか、また、深く追求すべき結果を見落としているのではないかと思いました。それは、同じ研究室の同期生や先輩たち、そして学会で定期的に会う他大学の人たちの発表を目の当たりにしても感じることで。もちろん、既存の株の解析に力を入れる人や、私のように変異体から新たなテーマを作ろうとする人それぞれで研究の速度は違うことはわかっています。それでも「次こそは私自身のテーマで皆に注目してもらいたい、ディスカッションをして自分たちだけでは思いつかないようなアイデアを見つけたい」と思って何度も何度も新しいスクリーニング法を試しているのです。

「研究と家族に関するアンケート、第二版、若手編」へのご協力をお願い

日本ゲノム微生物学会では、研究者の円滑な研究を支援するための活動の一環として、男女共同参画委員ならびに学会内に設置されたワーキンググループのメンバーの方々を中心に、学会員に対する研究活動と家族についての実態調査を行い、どのような支援が求められているのか、さらに、何が本学会員の研究活動を維持・向上させるのに必要なのかを追求することとしております。

これまでに、2011年の仙台ワークショップにてアンケートによる実態調査「研究と家族に関するアンケート」を行ない、その結果の概要を日本ゲノム微生物学会ニュースレター No. 4 (2011年10月5日号10ページ) に掲載し、さらに、参加者のうち58名の方々から寄せられた貴重な御意見の集計結果をまとめました (http://metabolomics.jp/wiki/SGMJ_GenderQuestionnaire)。

この第一版のアンケートは、全年齢層の学会員を対象としたこともあって、会員のご意見をやや粗くスクリーニングしたものとなりました。アンケートの設問は、子育て、介護、ポスドクおよび任期付研究者制度、任期制の上司の立場について、と多岐に亘っております。しかしながら一方で個別の設問と回答に目を向けますと、「任期制と結婚は両立可能か?」という設問に対して、回答していただいた女性の約23%および男性の約28% (約4人に1人) の方は、「難しい」と回答しています。さらにその「両立が難しい理由」として「職が不安定でリスクが大きすぎる」が性別を問わず大きな理由であり、「研究が優先で時間的・経済的に余裕がない」ことが見えてきます。この一見、単純でどこにでもありそうな設問と回答の中に、本学会員の研究活動ひいては、本学会自体のもつ、かなり本質的な問題が潜んでいるを感じとることができます。つまり、若手研究者に対する任期制度のもつ心理的・経済的な影響です。

学会活動は、学生、大学院生、若手の研究者の

方々がこの分野において育っていくことと密接に関連していることは申すまでもありません。そこで、若い研究者や研究者の卵の方々のもつ問題点やストレスを全年齢層の学会員が共有すること、その上で問題を少しでも解決に導けるように支援し交流できる学会にするためには何が必要か、という問題意識のもとに、第二版のアンケートを作成しました。それが「研究と家族に関するアンケート、第二版、若手編」です。これは、本学会の若手の会の参加者の方々にご協力をお願いして作成されたものです。ご協力頂きました方々に感謝申し上げます。

せっかく出来上がったアンケートですが、残念ながらこれまでのところ回答者数が少ないため、広く学会員の方々にご協力をお願いすることにいたしました。どうか皆様ご自身、ならびに周囲の若手の方々 (年齢不問) に以下のURLにアクセスして御回答をお願いいただければと存じます。学会の発展のためにも何とぞよろしくお願い致します。

アンケート第二版「若手編」のURL

【下記のオリジナルならびにリンクの二箇所から御回答いただけます】

<https://docs.google.com/spreadsheets/viewform?formkey=dERxUi1ncWRySULuQlZONzAyNlp0Mnc6MQ>

または、

<http://www.ige.tohoku.ac.jp/joho/a/>

今後さらに、若い研究者の方々と全年齢層の学会員の意見交換をする場を設けたいと考えておりますので、そちらへのご協力もよろしくお願いする次第です。

以上

男女共同参画委員ならびに研究と家族に関するアンケートワーキンググループ (文責、佐々木裕子)

第7回日本ゲノム微生物学会年会

2013年3月8日(金)13:00～10日(日)15:00の日程で、滋賀県長浜市田村町（北陸本線田村駅下車）にある長浜バイオ大学(<http://www.nagahama-i-bio.ac.jp/>)で開催されます。

ゲノム微生物学は若い研究分野でありながら、得られる情報の重要性から、微生物学における存在感を益々高めています。新技術が次々に登場し、教員が教えられることは少なく、若い世代が主体的に学び、教員の微生物に関する専門知識と組み合わせて研究を進めることが必要です。ゲノム微生物学会年会は大学等の枠を超えての情報交換や人的交流の場です。本学会はマンモス学会ではありませんので、現時点では、長浜バイオ大学のような地方の小規模な大学でも十分開催が可能です。一般に微生物学者といわれる方々は全国の大学に多数おられますが、その方々にもゲノム微生物学を身近に感じて頂くためには、地方の大学で年会を開くことは有意義であり、今回はその一例になればと思っています。

例年どおり、色々な企業が最新の技術や製品に関する展示を行います。加えて、文部科学省の支援事業である「創業支援技術プラットフォーム事業情報拠点」との共催による、タンパク質構造解析に関する相談窓口を設ける予定です。ご自身で研究しているタンパク質について、高次構造解析の必要性を感じておられる方はぜひ御利用下さい。

年会の詳細については本学会のホームページ(<http://www.sgmj.org/index.php/home>)の「第7回日本ゲノム微生物学会年会のご案内」をご参照下さい。また、参加を希望される方は、次ページの「宿泊に関する重要なお知らせ」もご参照下さい。

年会長：池村 淑道（長浜バイオ大学・バイオサイエンス学部 / 研究科）



第7回日本ゲノム微生物学会年会 宿泊に関する重要なお知らせ

学会会場の長浜バイオ大学は北陸本線の田村駅の前にありますが、土曜や休日は列車の本数が減ります。その不便を解消するために、以下のホテルや旅館からは、長浜バイオ大学への送迎バスを用意しております。部屋数に限りがありますので、各自で早めに予約をして頂きたいと思います。

長浜ロイヤルホテル： <http://www.daiwaresort.jp/nagahama/access/index.html/>

北ビワコホテル： <http://www.k-grazie.co.jp/home.html>

YES長浜みなと館： http://www.gh-y.com/htm01/access_m.htm



長浜バイオ大学の東には石灰岩でできた独立峰である伊吹山が聳えています。標高は1,377メートルでしかありませんが、どっしりした山容は堂々として立派です。イブキトラノオとかイブキジャコウソウなどの「イブキ」を冠した植物の多いのがこの山の特徴です。独立峰であることと、冬に北陸からの強い季節風を受けることから独特な植生が保たれてきたのでしょう。

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：吉田健一、大西康夫 集会幹事：久原哲、有田正規 広報幹事：中村保一、佐々木裕子、磯野克己 男女共同参画：有田正規、佐々木裕子

評議員（会長推薦を含む）：朝井計、跡見晴幸、石川淳、板谷光泰、漆原秀子、大島拓、河村富士夫、黒川顕、菅井基行、高見英人、田中寛、田畑哲之、戸邊亨、内藤真理子、永田裕二、仁木宏典、野尻秀昭、林哲也、吉川博文、北川正成

会計監査：藤田信之、和地正明

会員の動向

全会員数 409名（平成24年11月26日現在）

正会員 311名；学生会員 74名

賛助会員 22 団体；機関会員 2 団体