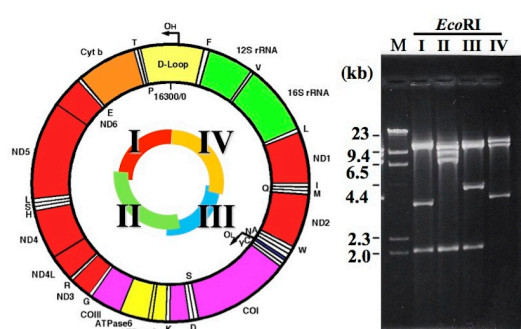


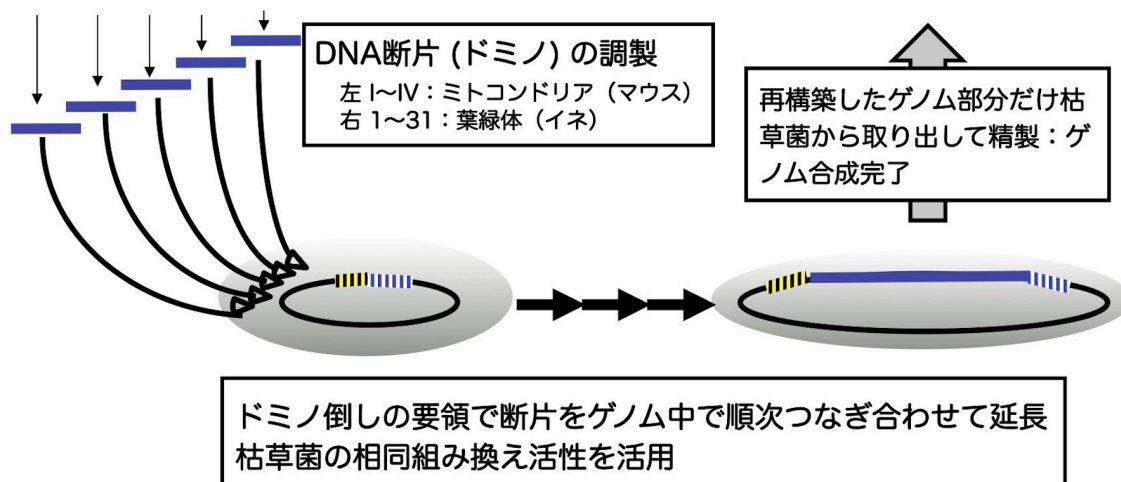
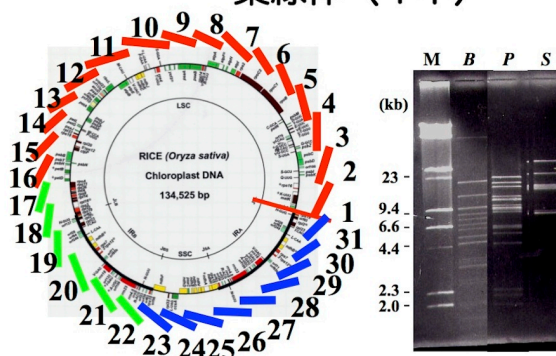
日本ゲノム微生物学会 ニュースレター

ゲノムを合成する新技術「ドミノ倒し法」 板谷 光泰（慶応大学先端生命研）

ミトコンドリア（マウス）



葉緑体（イネ）



ゲノムDNAは巨大高分子であるがゆえに溶液中では物理的に剪断されやすく、完全長の取扱いは極めて困難である。大腸菌ではクローンできるDNAのサイズに上限があり、ゲノムを丸ごとクローンすることが可能な宿主は枯草菌と酵母に限られる。われわれはDNA組み換え能力の高い枯草菌を用いて、実用的なゲノム再構築手法を開発した（Itaya *et al.*, Nat. Methods 5, 41-43, 2008）。この方法では、対象とするゲノムを完全にカバーするドミノ断片（両隣と約1割程度の長さの配列を重複させる）を作成し、あたかもドミノ倒しのように断片を次々と連結する。枯草菌では組み込まれたDNAは安定に保持される。

実際に、再構築されたDNAのみを回収する方法（Tsuge & Itaya, J. Bacteriol. 183, 5453-5456, 2001）を適用し、単離し精製したミトコンドリアゲノム（上段左：IVがミトコンドリア全長に相当）と葉緑体ゲノム部分（上段右：制限酵素 B: *Bam*HI, P: *Pst*I, S: *Sal*Iで処理した葉緑体全長DNA）の例を示す。【Mはサイズマーカー】

本法の必須要件は切れ目のないドミノ断片のセットを揃えることだけであり、どのようなゲノムの再構築にも適用できる。ドミノ断片のサイズも100 kbp 程度までは問題なく、枯草菌ゲノムに組み込めるDNAも数Mbpまでは実証されており汎用性は高い。合成生物学領域の研究において、この『ドミノ倒し法』は「合成」のための基盤技術であり、塩基配列の新規設計による合成ゲノム構築も夢ではない。

本学会の今後への期待と不安

庶務幹事・吉田 健一

(神戸大学大学院・農学研究科)



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2年目となりました。私は第2期から引き続き庶務幹事の役目を務めさせて頂いております。

庶務幹事の役割は執行部業務を円滑進めるため、会長を補佐して学会の発展に貢献することです。本来が裏方ですので、通例はあまり表だって自らの意見を述べる機会はない役回りだと思うのですが、今回思いがけずニュースレターに寄稿する機会を得ましたので、本学会に参加して以来、これまでに折りに触れて考えてきましたことを思いつくままに述べさせていただきます。

本学会は発足してからまだ年浅く、まさに発展途上の若い学会です。そもそも、ゲノム科学自体が発展途上の研究分野ですので、従来から一般に学会というものに求められる「あるべき姿」とらわれず独自の発展の方向性を模索する途上にあると考えてもよいかと思います。そして、自然発生的に備わっている本学会の最大の特徴は、ゲノムという共通のキーワードのもとに、様々な学問分野の垣根を越えて、基礎から応用までの専門の異なる研究者が入り混じる学際性にあると思います。特に、情報系と実験系の研究者が問題点を共有して議論できる場としては例のないユニークな存在です。前回の年会での発表を拝聴するにつけ、会員の皆さんの研究の切り口の多様さに感銘を受けました。他の学会で、このようなクロスオーバーを目にしたことはありません。実は正直言って専門外の議論にはついていけな

い場合もあります。でも、必要があれば臆せずにお尋ねすることができるフランクな雰囲気も、もうひとつの大切な特徴でしょう。

しかし、このまま自然発生的な学際的「ユニークさ」や「フランクさ」だけに甘えていてよいのかという不安もあります。その価値や有り難さを意識し続けなければ、昨日の「ユニークさ」は今日の「あたりまえ」に変わります。この危惧を象徴するかのように、本学会の発足当時はまだ珍しかった次世代シーケンサーも、その後の急速な性能向上とコスト低減によって、あっという間に「あたりまえ」になりつつあります。機器の機能のみならず解析手法や情報処理における技術的進歩、加えて国内外の研究資金の動向や大型プロジェクトの企画など、グローバルな研究情勢の変化に取り残されないよう、学際的「ユニークさ」を利かして常に広くアンテナを伸ばすことが大切でしょう。「フランクさ」も「馴れ合い」に陥る危険性があります。学際的に実りある共同研究を育むためには、いつも新鮮な気持ちで真摯に意見情報交換する姿勢が必要でしょう。

学際的な「ユニークさ」や「フランクさ」に特徴づけられる本学会の環境を維持し、円滑な運営をお手伝いするのが執行部の務めだと思います。そして、本学会がますます有意義な情報交換の場となり、微生物ゲノム科学を培う土壌として定着するようにするためには、学会員からのご意見やご要望を吸い上げて迅速に行動に活かすことが何より大切だと思います。そのためにも、ご存知の役員 (<http://sgmj.bio.titech.ac.jp/index.php/Admin>) のどなたかに直接意見を述べていただくか、または執行部への連絡用メールアドレス (wwwadmin@sgmj.org) にどしどし忌憚のないご意見をお寄せ頂きますよう希望します。もとより、本学会は会員数が依然として500名程度の比較的小規模な学会ですから、会員の声を学会運営に反映させやすく、会員各人が学会を通じて微生物ゲノム科学の発展に直接参加出来ると思われ、そのことも本学会の魅力のひとつであると考えます。今後とも本学会への積極的なご参画をどうぞよろしくお願いいたします。

ゲノム微生物学分野の研究動向

ゲノム時代のワクワク感

有田 正規

(国立遺伝学研究所：2013年11月1日異動)

単離できる微生物であれば安価にゲノムを読み取れる時代が到来した。ヒトゲノムを10万円以下でシーケンスできるのも驚きだが、新奇の微生物ゲノムを100万円以下で決定できるのはもっと驚きである。科研費特定領域「ゲノム支援」などの制度も整い、小額の研究費でも、個人でも、ゲノム計画を実行できるようになった。読み取られるゲノム配列量の増加率は、ムーアの法則とも呼ばれるCPU集積度の増加率をも上回っている。20年前にインフルエンザ菌のゲノムが決まって以来、既に7,000近いバクテリアのゲノムが明らかになった。

ではこれらのゲノムを解読してバイオテクノロジー全盛の時代が来ているか、または近い将来に来るかという、そうでもないように思う。大腸菌ですら遺伝子の3割以上が機能不明であるし、ゲノム情報を駆使して感染症や難病が治ったという話も聞かない。いくらゲノムがわかっても組み換えのためのツールが無いとか、配列の微妙な違いによって機能が異なるとか、様々な問題点が残されている。モデル微生物の場合、代謝流量や遺伝子発現量の全ゲノム・シミュレーションなども報告されているが、いずれも過去の実験結果に辻褄を合わせただけにすぎず、ちっとも役に立たない。いままでゲノムが生命の設計図だと言ってきた研究者たちが、設計図から何も作れないまま、これからはシステム生物学だとか合成生物学だと言うのは無責任だなあとと思わざるを得ない。

そういう筆者も自らの責任の一端は感じる。多くの研究者と同様に、ゲノム読み取りが生命の設計図を解き明かすように錯覚していたのは事実である。21世紀は新時代の幕開けで、生命のメカニズムもいずれ明らかにされると思い込むことが、時代の



空気だったように思う。この10年程度でそのワクワク感は明らかに減少した。自分が年をとったからではないだろう。なぜなら今の若手研究者もゲノム情報にワクワクしているようには見えないからだ。とりわけ次世代シーケンサーからの出力データは難題として扱われている。時代の雰囲気も以前に比べて見通しが暗くなった。ポストドク問題のせいか優秀な若手は大企業に就職してしまう。また、ビッグサイエンスの時代に入って個性が光る研究をやりにくくなった。

現役の役割として、皆にもっとワクワクしてもらえ研究を心がける必要がある。無闇に大学院生の数を増やしても良い研究につながらないことは、大学院重点化から20年経ってよくわかった。研究の面白さのためには、重点化はむしろ逆効果だったかもしれない。教育を疎かにする大学院制度の内側で研究活動を高度に細分化させてしまったからだ。グローバル時代にそんな丁稚奉公に耐えられる優秀な人材はごく僅かであろう。ロングリングした学歴を活かして就職をめざす人が多くなるのも当然だ。ではビッグデータ時代でもワクワクできる研究とは何だろうか。

生命の原則をさがす

ゲノム計画から我々が学んだのは、ゲノムは常に変化し続ける生命の一側面にすぎないのであって、基本設計図ではないという点である。ゲノムや遺伝子発現量だけでは生命を規定できないという事実

を、我々は、環境、共生、エピゲノムなど様々なキーワードを用いて確認しようとしている。筆者はバイオインフォマティクスの立場でゲノム研究に関わってきた。インフォマティクスの役割とは生命の様々な側面から、原則と呼べるものを拾い上げる作業だと考えている。ここでいう原則とは、物理や化学法則のような100%厳密に成立するルールのことではない。ムーアの法則がCPU大規模化の大まかな傾向を示すように（実際、ムーア自身は法則という言葉を使っていなかった）、基本方針といった程度の意味である。例えば20種のアミノ酸がコドンで指定されることや真核生物がコントロールされた細胞周期を持つことは基本原則のように教えられている。しかし今では当たり前と感じられる内容も発見当初は当たり前ではなかったはずだ。ありうる様々な生命現象の中から、どうして今の原則が成立したのか、どのような制約が働いているのか、そうした事実を明らかにする研究をしたいと思っている。

もちろん、原則探しは今までも重要なテーマだった。しかしこれまで我々が調べてきた生物種はごくわずかである。ビッグデータ時代に入ってようやく生命の全体像を見通せるようになった。例えば21番目のアミノ酸とも呼べるセレノシステインがアーキアからヒトまで使われることが初めからわかっていたら、今のコドン表に (Serだけでなく) Sec という記号を併記したかもしれない。シゾンがモデル生物に選ばれていたら、細胞周期の解説にはミトコンドリアや葉緑体の複製周期についても書かれていたはずだ。これまで対象を細分化することでローカル則に拘泥していた生物学を、ようやく原則に基づいて俯瞰できる時代になったのである。

ただし、そうした原則を見出すためにビッグデータの解析そのものはさして重要ではない。もちろんデータが多い方が役にはたつが、必須ではない。ビッグデータに取り組み始めると量に圧倒され、特定のデータセットにかかりきりになってしまう。しかし、同じようなビッグデータは他にもたくさんあるだろうし、実験条件によっては内容が薄いものもあるだろう。だから1枚の写真を事細かに調べあげるよりは、多くの写真を眺める作業が大切になる。例えば多くの研究施設が競って新型シーケンサーを購入しているが、シーケンス作業は出来る限り外注すると良い。自分でやってもコストと時間がかかるばかりで、特に優れた結果を出せるわけでもないだろう。

統計や数字とは違う生物学へ

バイオインフォマティクスは今、どんどん統計学寄りになっている。たくさんデータを集めて統計モデルを作り、それで機能や構造の予測ができるという論文ばかり目にする。統計学を最強の学問などと称する本がベストセラーになる時代なので仕方ないかもしれない。しかし（主観的な意見ではあるが）統計に基づく生物学などちっとも面白くない。機械学習による予測とは既知データとの類似度を求めているだけだから、良くて二番煎じの結果にすぎない。原則を見出したい生物学の本質には何ら貢献しないのである。具体例で考えてみてほしい。遺伝子領域予測に隠れマルコフモデルが使われ始めて以降、様々な機械学習の手法が生物学に応用されてきた。しかし、生命のメカニズムを明らかにするような本質的な貢献があっただろうか。メカニズムへの示唆など全く与えてくれない機械学習で予測だけはできますと言われて嬉しいだろうか。今後ビッグデータが利用できるようになればなるほど、この傾向ははっきりするだろう。誰もが簡単にデータを用意できる時代になるから、都合よく論文を書くのに統計学は便利である。しかしそれで生物学が進むことはない。

そのようなこともあって、バイオインフォマティクスという分野は大きな転換点にあるように思う。これまでではいい加減な予測で論文が書けたかもしれない。しかし今後は実地検証が必要になる。合成生物学が進めば微生物を実際に作成することすら可能になる。その時代にインフォマティクスを生物学として認めてもらうには、予測率とか信頼度のような数字争いではなく、ドグマとか原則と呼ばれるような内容を提示できなくてはならないだろう。大変なことだとは思いますが、それだけにチャレンジングでもある。少なくとも筆者は、そうした新しいインフォマティクスを目指すところにワクワク感を抱く。これは生物学全体についても言えることだろう。

オミックスや定量という時代になり、数字争いをする論文は増えている。正確で網羅的な計測はもちろん重要だが、生物学の面白さというのはそうした数字が示唆するドグマや原則を見出すところにある。実際に見ることで理解した気になるイメージング研究が流行るのもそのためだろう。こう考えると、生物学は漸く学問としてまともな時期にある。本当はもっとワクワクしてよいのだろう。

バイオソフト企業の立場から見た ゲノム微生物学の将来

大山 彰

(インシリコバイオロジー株式会社)

地場「ゲノム情報」企業

ゲノム情報企業を研究者の地場で育成すれば研究者自身にとっても利点が多い。私は以前、当時定評のあった海外ソフト (GCG Wisconsin Package) を輸入して、操作方法講習会などの少々の付加価値を付けて販売していたことがある。講習会を通じて日本の利用者から改良への要望が多く寄せられたため、米国の開発元企業を定期的に訪問し、これらの要望を伝えたが、ほとんどが採用されなかった。グローバル企業だと思っていたが、世界中の利用者に販売実績をもつこの企業も地場米国からのニーズを優先する地場米国企業だったのである。

上記の経験から、私の地場である日本の研究者の要望を取り入れたバイオソフトを作りたくなった。おりしも、小笠原先生から「GeneWorksのような」クローニング解析パッケージソフトを作ったらどうだろうかとの提案をいただいたのをきっかけに、黒川さんの開発されたゲノムビューアを参考にしてゲノム解析ソフトウェアパッケージであるIMCの開発に取り掛かり、インシリコバイオロジー株式会社 (以下、ISB社と呼ぶ) は地場ゲノム情報企業のひとつとなった。以来、ISB社は地場の研究者の要望を最大限取り入れて、このソフトの改良を続けている。

日本でもゲノム情報企業が増えて欲しいと願う。そのためには、地場である日本の研究者の方々の支援が必要である。研究者の方々に、このような地場企業をもつことが自分自身の利益となることをぜひ理解して支援いただきたいものである。日本ゲノム微生物学会 (以下、SGMJと呼ぶ) においても、年会などで日本のゲノム情報企業のセッションを設けるなど、積極的かつ継続的に取り上げていただきたいと考えている。

再分配ソフトから受益者負担ソフトへ

大学や公的機関の研究者が開発するソフトやデータベースは多くは税金という再分配された富によりその資金が賄われる。一方、商用ソフトは受益者負担である (ただし、広告収入経由の間接負担もよくあるが・・・)。

公的資金で開発されるソフトやデータは再分配目的を明確にする必要があるため、操作性よりはひとつの卓越した機能を実現することに重点が置かれる。しかし、その操作方法がソフトやデータ毎に異なっている場合が多く、多種のソフトを異なる操作方法で利用せざるをえない利用者側のストレスは大きくなる。単体ソフト由来の多種の解析機能を取り込んだソフトウェアパッケージ化により操作性は補強できる。インストールから始まり、データの管理、各解析機能の実行、結果の表示、他の情報とのリンク生成など、利用者環境を整備し、利用者の労力を最大限軽減するのがパッケージ化の利点である。さらに、パッケージソフトは有償化しやすい利点もある。こうして、操作性の異なる多数の再分配ソフトに共通の利用者環境を与え、持続的に利用可能な受益者負担ソフトへの転換が可能となる。次にこの実例を述べる。

研究者が開発したソフトやデータベースのパッケージング

ISB社は商用ゲノム解析パッケージを独自開発提供しているが、全部自前で揃えたいと考えているわけではなく、むしろ研究者が開発した優れた単体ソフトをこのパッケージに組み込み、ISB社のユーザーインターフェイス経由で提供するのが理想とする。東京大学の野口さんが開発した *de novo* 遺伝子同定ソフトであるMetaGeneAnnotatorの自動起動および結果取り込み機能の組み込みによるIMCへの搭載がその手始めであり、最近では産業技術総合研究所の清水さんが開発したSlideSortを応用した機能をGTに搭載し、さらに現在は東京大学の有田さんが開発したARMとのインターフェイスをゲノム設計用に構築している。

これらの日本発の優れたソフトをISB社の商用解

析パッケージに組み込むための権利関係のパッケージング方法はいくつかある。ひとつは、そのソフトを当社解析パッケージにバンドルせず、ライセンス提供も現状のままとする方法（**方法A**）で、MetaGeneAnnotatorがその例である。二つ目は、そのソフトをISBパッケージにバンドルし、再配布する契約を開発者との間で締結する方法（**方法B**）で、SlideSortが該当する。最後に、今後の保守を条件に開発ソフトを完全に弊社パッケージに吸収し、開発者名とソフト名を当社パッケージ上にクレジットする方法（**方法C**）もある。方法Aと方法Bは、開発者自身が今後もそのソフトウェアの改良と保守を担当することとなる。方法Cは当社が改良と保守を引き受ける。このようにして、優秀ではあるが一般にあまり利用されていないソフトを多くの利用者に提供する仕組みが形成される（図1）。

生物情報分野のデータベース開発は多くは公的なプロジェクトとして開始され、現在は保守への公的資金の先細り感からか有償化されるものもある。データベース事業は解析ソフト事業と異なり、類似の

ものを新たに開発する利点が少ないため独占的事業となるケースが多い。この有償化では利用者が過去のデータについても対価の支払いを求められる可能性がある。過去のデータの蓄積は公的資金で行われたのであるから、有償化は新規のデータ追加や検索方法の改良などのみを対象としてほしい。また、公的資金が投入された時期のデータについては再配布を自由とすべきであり、これに新規データや付加価値を付けて販売する新規参入を可能にすべきだと思う。一方、大型のデータベースの間のニッチに存在している小型のデータベースではその後の保守ができない場合が多い。このようなデータベースを解析パッケージに組み込み、再配布を容易にする制度があるとよい。

利用者の要望と実際の利用のミスマッチ

ISB社のソフト利用者の方々から「IMCやGTにこの機能を追加すれば、他の研究者も皆購入する。だから、早く実装すべきだ。」などとそそのかされ続けて今年で10年となる。しかし、ISB社は未だに

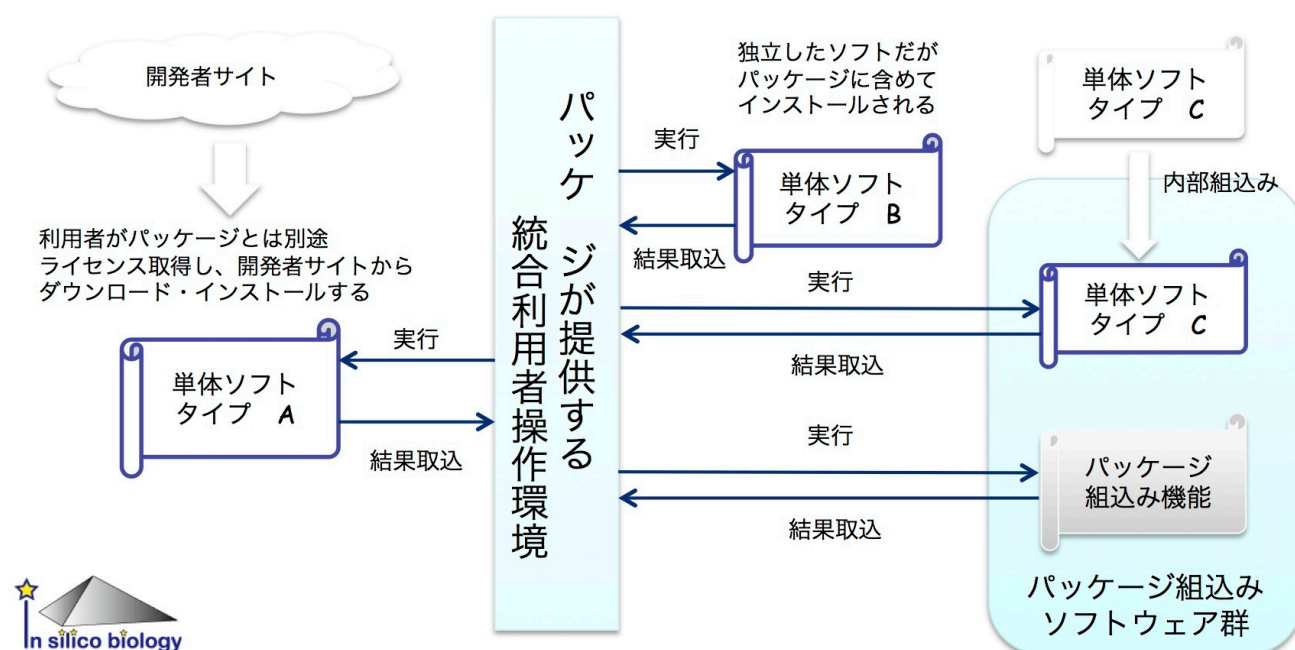


図1：統合解析パッケージへの単体（再分配）ソフト組込方法

研究者が開発した再分配ソフトを統合ゲノム解析パッケージに組み込む3つの方法を示す。**方法A**：パッケージとは全く独立したソフトであり、使用ライセンスの入手やダウンロード、インストールもパッケージとは別途行われる。**方法B**：パッケージに含まれ、インストールも同時に行われるが、ソフトとしては独立しているため、単体でも実行できる。**方法C**：ソフトはパッケージ内に組み込まれ、単体では実行できない。

開発者3名の零細バイオソフトウェア企業であり、今となつてはそれを提案した方々に再度訊ねても「そんなこと言ったっけ。」とはねつけられそうである。そこである時、ソフト利用者からのニーズをウェブ上のフォーラムに投稿していただき、記録すると同時に利用者間の議論を経てより正確なニーズにしたいと考えた。しかし、企業の提供するフォーラムでは、利用者間の議論にはなかなか発展せず、当社技術者とのQ&Aに陥りがちになった。このような利用者フォーラムは企業が運営するのではなく、学会等の公的な機関が運営する方がより議論が活発になりやすいと思われる。SGMJでフォーラムを立ち上げてはいかがかと思う。また、年会でも利用者と開発者との間で「こんな機能のソフトが欲しい」あるいはより一般的に「こんな製品が欲しい」というようなセッションを設けていただけると面白いのではないかと考えている。

ゲノム解析からゲノム設計へ：ゲノム情報人材需要のシフト

1990年ごろからゲノム解析計画が始まり、ゲノム研究者からの要望をソフトウェアとして具体的に設計する技術者が必要とされるようになった。次いで、病原微生物ゲノムなどの解析が進められ、多くの微生物ゲノム配列が決めらるにつれて、高速ホモロジー検索を主とする並列処理などの情報技術者が必要とされるようになり、さらに、1塩基変異株のゲノム解析に進み、DNAアレイ解析が主流となり、統計解析人材への需要が高まってきた。このようにゲノム情報技術者に対するニーズは常に変化を続けてきている。現在は高速シーケンサの応用技術がさらに可能性を拡げている。飛躍的な高速化と低価格化で微生物ゲノム情報が簡単に手に入るようになったが、反面、そのデータ解析は追いついていない。解析アルゴリズム、使いやすい利用者環境、ゲノム情報データベースなどに対処できる熟練情報技術者が不足していることが原因であろう。

これらの要望に対応する人材を新卒からタイミリーに育成するのは不可能に近い。むしろ、一人の情報技術者が、生涯を通じてこれら需要の変化に柔

軟に対応していくための、生涯教育・研修制度の整備こそが重要ではないかと考える。

従来、人類が必要とする化学品の生産は高温、高圧、強酸性・強塩基性下で、高エネルギー要求性の産業化が行われてきたが、これらは環境への負荷が大きい。今後は常温、常圧、中性、低エネルギー生産へのシフトが進むだろう。その鍵となるのが、有用物質のゲノム育種による生産技術の開発である。ゲノム育種には、これまでのゲノム情報解析技術のすべてが必要となるだけでなく、おそらく多くの新規の情報技術開発が必要である。これらのゲノム育種を実施する企業が必要とする人材は、量的にも質的にも現状の人材供給能力をはるかに超えるものと予想される。企業内部で人材を確保するか、あるいは受託解析供給企業等に外部委託するかの形態の違いはあれ、これらを担う高度ゲノム情報技術者の養成が必須となる。先導的なプロジェクトで得られた技術や経験が、後続の営利事業にスムーズに引き継がれるような仕組みや制度が必要であろう。

それと同時に、企業側での人材の受け入れ体制の整備も必要である。今後は各企業でゲノム情報を担当する人が少人数しかいないケースが多くなると思われる。このような企業内でのゲノム情報技術者のキャリアパスの形成は困難で、ギルドのような横の連携が必要となる。この横の連携にSGMJをはじめとする学会が大きな役割を果たせそうである。

「NGS現場の会」はそのようなさきがけのひとつであろう。SGMJでも、企業のゲノム情報技術者を積極的に取り込んでいただきたいものである。

あとがき

私自身は国家や国境に束縛されないコスモポリタンであることを理想と考えており、本稿では地理的な地場産業について述べたものの、将来は国境を超越した仮想的な地域を地場とする産業が面白いと思っている。

略語

GCG: Genetic Computing Group
IMC: *in silico* Molecular Cloning
GT: Genome Traveler

大学院生として学会に参加して

外国での学会に参加して

山中 幸

(法政大学大学院・工学研究科
生命機能学専攻・博士後期課程2年)

私は、今年の6月に米国コロラド州デンバーで開催された第113回米国微生物学会年会に参加しました。幸運にも、大学院在学中に海外の学会で発表する2回目の機会でした。

私の研究テーマは、大腸菌の酸耐性機構の解明です。動物の腸管で病原性を発揮する病原性大腸菌などの細菌は、腸管にたどり着く前に、消化器系で最も過酷な胃のpH2の強酸ストレスに晒されます。この時に大腸菌で機能すると考えられている酸耐性機構は、胃をその住処とするピロリ菌とは異なっており、大腸菌は強酸ストレスを一過的に捉え、その後うまく腸管に定着する分子システムをもつと考えられます。私はその仕組みをゲノム内の発現ネットワークとして理解することを目指しています。

修士課程在籍中に、大腸菌のYdeO転写制御因子が複数のストレス応答転写制御因子遺伝子群と嫌気呼吸鎖遺伝子群を同時に活性化することを発見しました。この成果を初めて発表したのは、2011年9月に東北大学で行われたゲノム微生物学会ワークショップでした。このワークショップは東日本大地震のために流会となった第5回日本ゲノム微生物学会年会に代わるものとして開催された会であり、大変思い入れがある学会発表でした。その後、2012年6月に韓国の済州島で開催された第12回アジア転写会議でも、ショートトークとポスターで報告しましたが、英語が苦手な私は非常に緊張しました。しかし、ポスター発表では多くの研究者が見に来てくれ、私の拙い英語での説明を熱心に聞いてくれました。この時英語の重要性を再確認したのはもちろんですが、実験結果をどのように解釈し、モデルに至るかの理論的思考がやはり研究にとっては極めて大

事だと気づきました。さらに、会議の最終日には予想もしなかったBest Poster Awardを受賞することができ、忘れることができない初めての国際会議参加となりました。

さらに提唱した大腸菌の消化器系初期で機能するゲノム発現ネットワークのモデルを確立するために実験と英語の勉強を重ね、第113回米国微生物学会年会で発表する機会を得ました。米国微生物学会は100年以上の歴史のある学会であり、非常に多くの研究者が参加する大きな年会に驚くとともに、研究の成果を発表することを楽しみに感じました。ポスター発表の当日、予想以上の多くの研究者が足を運んでくれ、定められた発表時間を超過して議論することができました。また、学会参加後はペンシルバニア州立大学の研究室を訪問し、研究について討論して頂く機会も得ました。さらに、幸いにも、共同研究を開始することができることにもなり、本当に有意義な米国訪問となりました。現在、これらの成果を学術論文に投稿する準備を進めています。

私が初めて研究報告をしたのは、2011年の仙台でのゲノム微生物学ワークショップです。私自身もやりきれない気持ちを持っていましたが、反面、お酒を交しながら、多くの先生方に本気で研究議論をして頂いたことが今でも大きな励みとなっています。これからも、ゲノム微生物学会など国内外の学会で良い研究を発信できる研究者になれるよう、日々精進していきたいと思います。

韓国の学会でBest Poster Awardを受ける



EMBO/EMBL Symposiumと 訪問セミナーを体験して

大林 龍胆

(東京農業大学大学院農学研究科
バイオサイエンス専攻・博士後期課程3年)

10月中旬にハイデルベルクで開催されたNew Approaches and Concepts in MicrobiologyというEMBO/EMBL Symposiumに参加しました。本稿では参加した中で私が感じたこと、驚いたことをまとめてみたいと思います。個人的な備忘録的な感じになってしまうかもしれませんが、主として現在博士後期課程在学中の皆様へ向けて、今後の参考になれば幸いです。

本学会に参加して私が最も驚いたことは、発表者のプレゼン能力の高さです。病原細菌から藻類までと実験材料も研究分野も幅広く、それぞれの研究者の方々のバックボーンも様々で、また研究内容もNature、Science誌のような一流誌に掲載された偉大でかつ複雑なものが多いにもかかわらず、私にも自然にストーリーを理解できるような話し方することに大きな衝撃を受けました。ちなみに私のヒアリング能力は決して高くありませんが、それでも理解できることへの感動と衝撃もひとしおでした。

また、本学会に参加し、バクテリア研究の潜在的な可能性を再認識することができたのは大きな収穫でした。次世代シーケンサーの普及により、ゲノムレベルでの進化を追跡したり、また網羅的な発現解析など、これらの技術を駆使し次に何ができるの

かを考えれば、まだまだバクテリアにしかできない研究、やらなければいけない研究が数多くあると思います。このように、私にとって学生生活最後の年に、世界の微生物学研究の新しい流れを具体的な提言と共に再認識出来たことは、今後の研究活動が続ける上で大きな刺激になり、意欲を新たにすることが出来ました。一方で、ディスカッションを深めるためにも幅広い微生物分野での交流の場が必要だと改めて感じ、我が国にもすべての微生物学研究者が一同に集うような学会があってもよいのではと考えさせられました。

学会終了後には、私の指導教員である渡辺智助教が留学中のFreiburg大学を訪問し、Wolfgang R. Hess教授の研究室でセミナーをする機会を頂きました(写真)。私の発表内容は、多くのバクテリアにおいて必須なDNA複製因子をコードする*dnaA*遺伝子をラン藻において破壊したところ、自らのプラスミドをゲノムに挿入し、複製機構を代替するという新しいシステムを発見したことです。これは*dnaA*遺伝子を持たない葉緑体の複製機構を進化的に説明出来るかもしれないと、非常に高く評価して頂きました。初めての英語でのプレゼンということもあり、非常に緊張して、正直、セミナー前は憂鬱でしたが、やってみればこれ以上ない経験だったと充実感で一杯になりました。もちろんその後のビールのおいしさは格別で、心底ドイツに来て良かったと思えた瞬間でした。本セミナーを通じて、研究的な考察が広がったことは言うまでもないのですが、その他に一つ気付いたことがあります。それは如何に自分が現状に慣れてしまっていたか、ということです。国内での初めての学会発表もとても緊張したのを覚えています。最近ではその緊張感も少し薄れてきています。初めの頃の新鮮な緊張感と、刺激的な討論を忘れてはいけないと思い直した会でもありました。

短期ではありましたが、今回の海外経験は、これからの研究へのモチベーションを新たにし、初心に帰るという意味では非常に良い機会だったと感じています。このような緊張感を常に追い求めていたら疲れてしまいそうですが、時には、ぬるま湯に浸かっていたのでは得られないものを、自分から積極的に探し出してチャレンジしていこうという意欲を新たにしました。

フライブルグ大学での訪問セミナー



第7回日本ゲノム微生物学会 若手の会研究会のご報告

世話人代表 今村 壮輔
(東京工業大学・資源化学研究所)

本年度の日本ゲノム微生物学会若手の会研究会は、2013年9月19～20日の二日間、静岡県の「ろうきん研修所富士センター」にて開催されました。本研究会は、微生物学研究的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、ゲノム研究をはじめ、様々な分野の微生物を扱う研究者が集まり、お互いの研究の背景、基盤技術、研究データなどを紹介し、活発に議論し合うことで、実験手法や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月に開催されている本研究会は、今年で7回目となりました。今回の研究会は、私（今村）を代表とし、相馬亜希子さん（千葉大学）、阿部貴志さん（新潟大学）、島田友裕さん（東京工業大学）の4名の世話人で担当させて頂きました。今年の参加者は63名にのぼり、若手の会らしく、参加の半数が学生さんでした。今回からの新たな試みとして、一般発表は口頭発表に加えてポスター発表を設けました。その結果、一般発表演題数は42題（口頭24演題、ポスター18演題）となり、例年に比べて1.5倍近い発表が行われました。口頭発表での質疑応答は勿論のこと、ポスターセッションでも活発な議論が行われ、セッション時間が過ぎても議論が続いている光景が見られました。前述したように、本会の目的の一つは、深い議論を通じた知識の向上



会場におけるポスター発表と口頭発表への質疑風景

や、異なる視点での意見やコメントを基にした新規アイデアの創出です。その意味でも、例年行われている口頭発表に加えて、ポスター発表を取り入れたことは非常に意味のある結果となり、また、今後の若手の会の運営を行う上でも貴重な経験となりました。全体を通して内容は「ゲノム」と「微生物」をキーワードにした様々な分野の研究に関する発表が行われ、参加者は異分野の研究に触れ、また、質疑応答や議論を通してそれらの研究を理解するよい機会になったことと思います。

招待講演は世話人4名からの推薦により、キッコーマン株式会社の伊藤孝太郎氏（現：野田産業科学研究所）による「ゲノム情報を活用したしょうゆ醸造に寄与する麹菌グルタミナーゼ遺伝子」と、鈴木治夫博士（山口大学）による「ゲノム塩基組成に基づいたプラスミドの宿主予測」の講演が行われました。伊藤氏には、麹菌（*Aspergillus sojae*）ゲノム上に存在する10個のグルタミナーゼのうち、しょうゆ醸造に寄与する真のグルタミナーゼを明らかにした研究について紹介して頂きました。伊藤氏のように、企業で活躍されている研究者の方による講演は若手の会では初めてであり、普段聞く機会の少ない企業における研究への取り組み方や考え方など、学生さんのみならず、参加者全員にとって有益な講演となりました。また鈴



交流会は打ち解けた雰囲気では話が盛り上がりました。

木博士には、完全ゲノム配列が解読された細菌の染色体とプラスミドの情報を基にした、プラスミドとその宿主との関係に関する研究紹介をして頂きました。更に同博士には、アメリカでの研究生活や研究スタイルなどについてもお話して頂き、これから海外での研究を目指す学生さんにとって興味深い講演になったと思います。

そのほか今年は、招待講演に加えて「世話人企画」として、キッコーマン株式会社の藤田友紀博士に「キャリアプランを考える～大学と企業での研究の違い～」という題目で講演をお願い致しました。企業とアカデミックでの研究経験をもつ藤田博士の講演では、博士取得後の進路の方向性は多岐であり、様々な可能性があることが紹介されました。特に印象に残っていることは「ロールモデルを探すのではなく、常に自分自身が最先端であれ」でした。つまり、前例がないからとその可能性を閉ざすのではなく、自分の意思に基づき進を切り開いて行くことが重要であるということです。その他にも、いろいろな経験した方ならではの視点からのお話を聞くことができ、参加者の皆さんの心に響いたように見受けられ、この新たな試みである「世話人企画」も有意義なものになったと確信しております。

ランチョンセミナーは、イルミナ株式会社により「デスクトップ型次世代シーケンサー MiSeq 徹底活用～全ゲノム解析、菌叢解析、メタゲノム解析～」という題目で行われ、次世代シーケンサーを用いた最新の技術・情報に加えて、解析手法を学ぶよい機会を提供することができたと考えています。

一日目の夜には、恒例の交流会が行われ、各々の立場や専門分野に拘わらずに、情報交換や今後の研

究・進路について、深夜まで活発かつ白熱した議論が行われていました。研究発表のみならず、交流会で新たなネットワークの構築ができたのではないかと思います。

若手の会研究会の運営にあたっては、日本ゲノム微生物学会からの後援を頂いております。この場をおかりしまして、会員の皆様にお礼申し上げます。また、世話人で独自に協賛企業を募った結果、今回は12社の企業から協賛を得ることができました。これらのご支援により、昨年同様に費用（参加費、宿泊費、食費、交流費を含む）を社会人は9,000円、学生は4,000円に抑えることができ、費用面でも若手研究者が参加しやすい会にすることができました。

今年も皆様のご指導・ご協力により有意義な会になりました。今後も「若手の会の使命」について熟慮し、「日本ゲノム微生物学会若手の会でのみできること」を実現していくために様々な改革を実行して行きたいと考えています。そのためには、先に紹介した「前例にとらわれない」ということが、重要かもしれません。来年度は、相馬さんを代表とし、鈴木治夫さん（山口大学）と広瀬侑さん（豊橋科学技術大学）ならびに阿部さんと今村の5名で世話人を務めさせて頂きます。今後とも、皆様のご支援・ご鞭撻をどうぞよろしくお願い致します。来年度も今年度同様の時期・場所での開催を考えております。皆様と第8回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。

日本ゲノム微生物学会若手の会研究会・ホームページ
(アドレスが変わりました)

<http://bioinfo.ie.niigata-u.ac.jp/MicroWakate/>



第8回日本ゲノム微生物学会年会

第8回日本ゲノム微生物学会年会は、2014年3月7日（金）13:00 ～ 9日（日）17:00 の日程で、東京農業大学（東京都世田谷区桜丘：<http://www.nodai.ac.jp/>）で開催されます。奮ってご参加下さい。

ゲノム微生物学会は、我が国の微生物ゲノム研究を牽引してきた先駆者達によって設立され、ゲノム情報の解析法と活用法の普遍化に大きな役割を果たしてきました。今やゲノム情報は、微生物学の出発点といっても過言ではないのではないのでしょうか。しかし、拡大する情報量と、進歩する解析技術は、これからも多くの若い世代が参加し、本学会を牽引していく必要性を示唆しています。

今回は特別企画としてそれぞれ4名の演者からなるシンポジウムを2つ開催します。1つは、「ゲノム情報が異分野をつなぐ」と題し、文字通りゲノム情報の活用が微生物学研究の範疇を超えてスケールの大きな話題を提供してこられた、海外で活躍する若手日本人研究者に講演をお願いしました。もう1つは、「ゲノムから探る醗酵・醸造」と題し、我が国の伝統的醗酵・醸造の分野にゲノム情報解析を取り入れ、醸造特性の解析と育種へ向けた興味深い挑戦についてお話し頂く予定です。

年会の詳細につきましては、専用のホームページを開設しましたのでご覧下さい（<http://www.aeplan.co.jp/sgmj2014/>）。

第8回日本ゲノム微生物学会・年会長 吉川博文（東京農業大学応用生物科学部バイオサイエンス学科）

年会の主会場 →
（百周年記念講堂）

実学主義の提唱者
横井 時敬・初代学長 ↓



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 416名（平成25年11月12日現在）

正会員 330名；学生会員 86名

賛助会員 19 団体；機関会員 2 団体