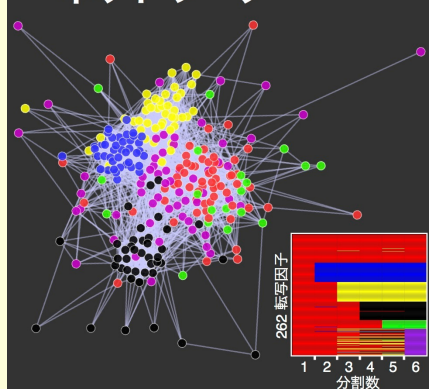


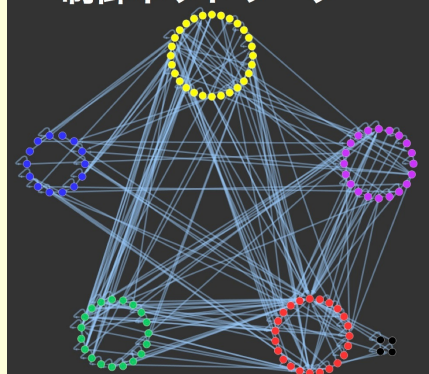
日本ゲノム微生物学会 ニュースレター

大腸菌の転写因子ネットワーク 松井 求 (東京大学大学院・理学研究科・生物科学専攻)

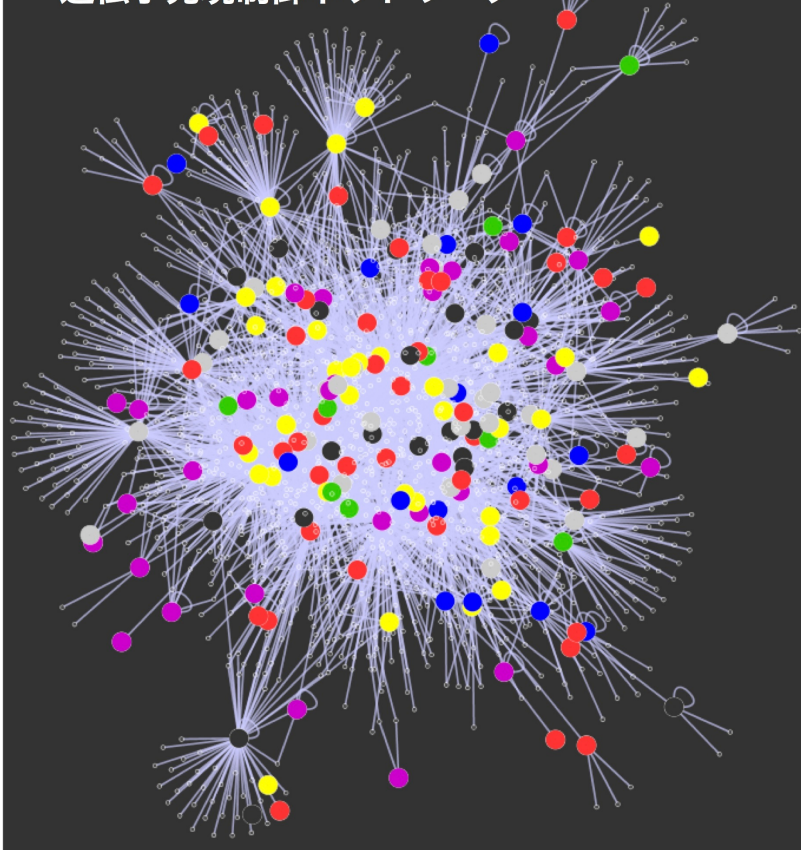
A. 転写因子の配列類似性ネットワーク



B. 転写因子同士の制御ネットワーク



C. 転写因子と被制御遺伝子の遺伝子発現制御ネットワーク



生命のいろいろな階層には多様なネットワーク構造が見られる。本研究では、大腸菌の転写因子を中心としたネットワークに着目し、その進化過程を理解することを目指した。

まず、(A) 大腸菌の全転写因子をそれぞれノードとし、転写因子のアミノ酸配列の類似性に従ってノード間にリンクを張る事でグラフを構築した。そして各ノード群を段階的なクラスタリングに基づいて6つのグループに色分けした(右下は分割パターン。この色分けはBCのパネルでも同様)。この段階的なクラスタリングの結果は転写因子がどのように進化してきたのかを示唆している。すなわち元々は赤色のグループから他の色のグループが派生したと推定される。次に、(B) 転写因子間における制御関係をRegulon DB (ver. 8.5)より取得して描画したところ、転写因子全体の複雑な制御関係が可視化されると同時に、転写因子間の配列類似性と被制御遺伝子群間の類似性には相関関係がほとんどない事が示された。そこで最後に、(C) 転写因子以外の遺伝子を含めた包括的な遺伝子発現制御ネットワークを構築した結果、同一のグループに属する転写因子がこのネットワーク上では散在したパターンを示すことがわかった。以上の結果は、遺伝子制御ネットワークが発達してきた進化の過程で、各転写因子に制御されるそれぞれの被制御遺伝子群は”互いに素”になる方向へ住み分けを進めてきたことを示唆していると考えられる。

【本研究は本年3月の年会におけるポスター賞を受賞】

若手賞受賞研究

微生物と遺伝子に関する集団ゲノム科学・疫学研究

矢原 耕史（東京大学
新領域創成科学研究科、
JSPS 特別研究員 PD）



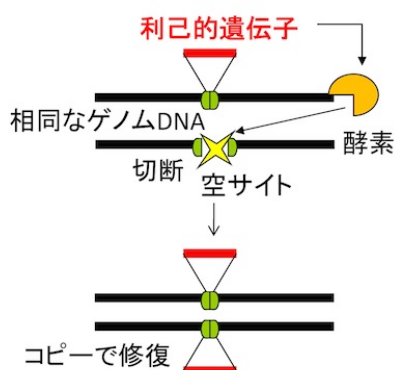
この度は若手賞を頂き、大変光栄に、そして励みに思っております。私は約10年前、ゲノム微生物学会がまだ、かずさで開かれる「ゲノム微生物学研究のフロンティア」というワークショップだった頃に、大学院生として研究生生活をスタートさせました。そして、まさに今年のゲノム微生物学会年会の直前に、学術振興会特別研究員としての海外での研究滞在を一段落させて帰国し、翌月の4月1日から、久留米大学の講師として研究の新しいステージを開始した段階です。従って、私にとっては非常に節目となるタイミングでゲノム微生物学会から受賞というかたちで背中を押して頂いたことになり、心から有り難く思いました。応援して頂いた先生方に、まず、深く御礼申し上げます。

現代の生命研究は、分子生物学の長足の進歩に基づ

き、生命の本質が遺伝子にあることを明らかにし、ウイルスのように、自己の生存と拡散のために遺伝子そのものが戦略的に振る舞う例を明らかにしてきました。一方、ゲノム科学の幕開けから約20年が経過し、1000 Genomesプロジェクトに象徴されるように、同一種内の多数の個体のゲノムデータを土台とする集団ゲノミクスの時代が到来しました。そして、今日の生命研究にとって、「遺伝子の戦略」という視点からの理解（以下、課題1）と多数のゲノムデータの比較に基づく理解（以下、課題2）が、最も基本的かつ重要な課題になっていると思います。私はこれまで、この両者を研究の基本的な柱とし、大学と企業、国内外の複数の環境を経験しながら、論文を発表してきました（<https://sites.google.com/site/kojiyahara>）。受賞講演ではまず、その中から代表的な論文を選び、これまでの研究の歩みを紹介させて頂きました。

課題1に関しては、戦略的な振る舞いを見せる「利己的」な動く遺伝子（あるいはそれに拮抗する遺伝子）を研究対象に選び、それらがどのような環境で拡散（または消失）するのかを、数万世代に渡る生き残り過程の理論的解析によって明らかにしてきました。利己的な動く遺伝子については、「一気に広がり、あとは壊れるだけ」というのが、哺乳類や霊長類のゲノムから受ける印象ですが、本当にその通りなのでしょうか。私はこの問題を、もっとも単純なモデル利己的遺伝子であるホーミング遺伝子（図1A）について解析しました。

A



B

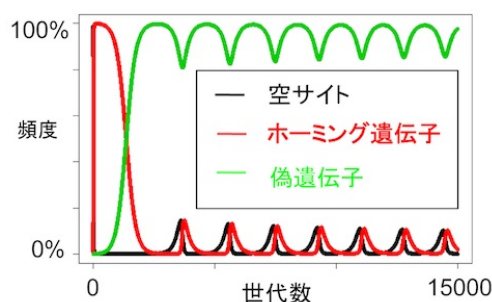


図1 A: モデル利己的遺伝子の拡散戦略 B: 閉じた集団での利己的遺伝子の存続

この遺伝子は、ゲノムに一か所だけ挿入サイトを持ち、減数分裂で空サイトに会おうとそこに自分のコピーを挿入します。過去の先行研究に基づく「定説」によれば、この遺伝子は、急速に拡散し集団中のサイトを埋め尽くし、やがて壊れて消失していくと考えられていました。これに対して私は、水平伝達の生じ得ない閉じた集団内でも、この遺伝子の長期的な存続が可能であることを理論的に明らかにしました (図1B)。

そのメカニズムとしては、まず、この遺伝子が集団

存サイクルを通じて、遺伝子の水平伝達なしに進化的に維持され得ることが明らかになりました。この研究は、ウィルスの拡散過程とも類似しており、利己的遺伝子の拡散に関する一般的意義をもつ研究成果に位置付けられます (Yahara (2009), PNAS)。この研究のベースは、こうした利己的遺伝子に拮抗する、ゲノムのDNA損傷修復遺伝子の拡散が、過去の定説に反して環境依存的であることを示した論文 (Yahara (2007), Genetics) にあります。この2つの論文は進化生態学

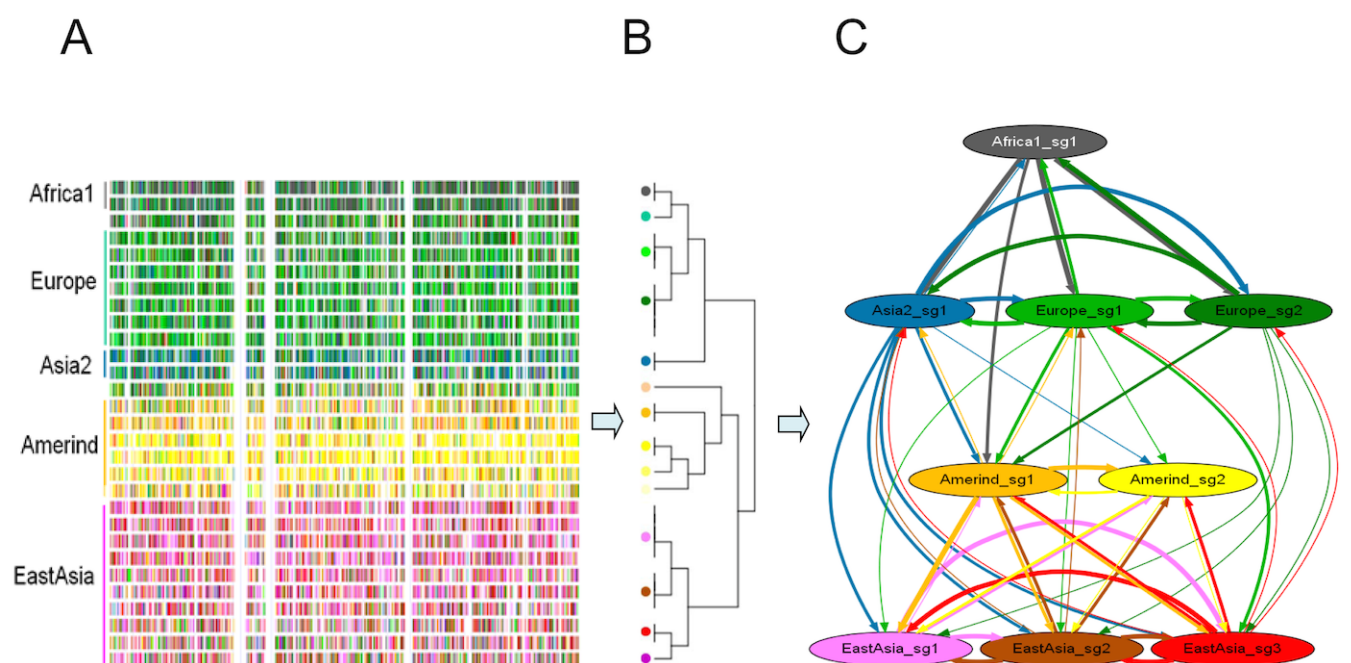


図2 A:インシリコ染色体ペインティング B: 微細な集団構造 C: 遺伝情報フロー

中のすべてのゲノムに飽和 (図1B、赤い線の急上昇) した後に、それが壊れて生じる偽遺伝子が利己的遺伝子の感染を免れるために有利になって頻度を増やします。いわば、偽遺伝子はワクチンのような役割を果たすと考えられます (図1B、緑の線の急上昇)。しかし、利己的遺伝子を駆逐して多数派になると偽遺伝子は何の役にも立たなくなり、逆にそれを保持するコストのために徐々に失われていきます。そうすると空サイトの頻度が上昇 (図1B、黒線の上昇) し、利己的遺伝子に再び増殖のチャンスが回ってくることになります。つまり、利己的なホーミング遺伝子は、この共

で用いられる方法を活用しており、それを遺伝子の拡散・消失過程とその環境依存性という、いわば疫学的な問題の解決に発展・結実させた意味で重要な研究成果だと言えます。研究遂行にあたっては、総合研究大学院大学 (葉山) の佐々木顕先生に大変お世話になりました。この場をお借りして深く御礼申し上げます。

課題1の研究は、微生物が形成する集団の意味に注目した、微生物の集団生物学 (Microbial Population Biology) として位置付けられる研究です。アメリカではGordon conferenceの対象である一方、日本では

研究者が非常に少ない状況ですが、その中で私は、まず理論的な側面から貢献を行ってきました。しかし、生物学がゲノムの時代を迎え、ゲノム解読のペースが加速していくのを目の当たりにする中で、ゲノムデータを土台とするdata-drivenの研究にシフトする必要性を感じ続けていました。そのための道筋として、IT企業でヒトゲノム解析のプロジェクトを経験してbioinformaticsの技術を磨きつつ、統計科学の大学院で学位を取得するという独自の道を歩んでいきました。その中で課題2の方向性を具体化していった結果、特に相同組換え率のゲノム上での分布・ランドスケープに関する研究に注力するようになりました。

課題2では、相同組換えと生物の適応の痕跡をゲノムワイドに同定できる研究対象として、胃がんの原因菌であり、遺伝的多様性が著しく高いことで知られるヘリコバクター・ピロリ菌を選びました。日本人の患者等から採取された複数の菌株のゲノムを完全解読し、世界各地で得られた菌株の集団ゲノムデータと統合し、スーパーコンピュータを活用して全オースログ遺伝子解析系を構築しました。そして、ゲノム全域から相同組換えの痕跡を網羅的に検出しました。その結果、組換えの痕跡の検出しやすさが遺伝子の塩基多様度にほぼ直線的に比例することを示した上で、ゲノム全体の傾向から外れて相同組換えの痕跡が特に多い遺伝子の同定に成功しました。その中には、基本的な細胞機能を司る遺伝子も含まれており、その全長に渡って組換えの痕跡が期待値よりも多く見られることを、細菌ゲノムに関する研究としては初めて明らかにしました (Yahara (2012), *Genome Biology & Evolution*)。

さらに、海外での研究滞在を通じ、ピロリ菌の系統地理的な集団構造と、集団の垣根を越えた相同組換えによる遺伝情報のフロー（種内の遺伝子水平伝達）の全貌を明らかにしました。この研究では、新たに沖縄株の全ゲノム解読解析を行うと同時に、解析した株数を29株に増加させ、世界各地のピロリ菌株の集団ゲノムを比較しました。そのために、ヒトゲノム解析のために最近開発された方法（インシリコの染色体ペインティング法とfineSTRUCTURE）を、世界で初めて細

菌のゲノム解析に発展的に応用しました。ゲノム全域のゲノム間の相同組換えによるモザイク構造を1塩基単位で明らかにし（図2A）、それから、種内の微細な集団構造（図2B）と集団間の遺伝情報フロー（図2C）を明らかにしました。東アジア集団に4つの分集団を識別し、沖縄株を含む分集団に欧州由来の遺伝情報が多いなど、日本人の起源に示唆を与える知見も得ることが出来ました。これは、ゲノム全域の相同組換えにより系統関係が極めて複雑なネットワークとなる細菌種について、系統樹に依存しない方法で集団構造を明らかにし、さらに進んで遺伝情報フローまでを明らかにした、細菌ゲノム科学上での重要な成果だと言えるのではないかと思います (Yahara (2013), *Molecular Biology & Evolution*)。

こうして課題2の方向にシフトしていった私が、現在、集団レベル・数百本単位で得られるゲノムデータに基づいて開拓を進めている研究領域は、集団ゲノム科学 (Population Genomics) と呼ばれます。適応進化のメカニズム、遺伝子型と表現型との関係等の根本問題にアプローチする王道として、世界的には既に分野を牽引する潮流になっていますが、残念ながら日本では、ゲノム微生物学会でゲノムの塩基配列データ解析に関する発表が少数派であるなど、大きく遅れをとっていると言わざるを得ません。日本がこの領域で世界に対抗していく上で、その先陣として研究成果を挙げていけるよう、今後とも努力していきたいと思えます。

講演当日には、なぜ若手賞ではなく奨励賞に応募しなかったのか、という望外なお言葉を何人かの先生方から頂きました。課題2の路線の研究は、現在も国際的な共同研究体制の下で継続発展中ですので、その中で一日一日の積み重ねを次の機会に繋げていきたいと思えます。今回の学会期間中には、これまで直接お話ししたことのなかった多くの先生方や若手の方々と交流させて頂くことも出来ました。海外から帰国したばかりの私にとって、その1つ1つに背中を押して頂いたように思います。ゲノム微生物学会を通じて、今後ますます研究交流を深めさせて頂ければと思いますので、どうぞよろしくお願い申し上げます。

第8回年会におけるポスター賞

修士課程以下部門

アミノ基結合型キャリアタンパク質を指標 とした新規天然化合物の探索

松田 研一

(東京大学大学院・生物生産工学研究センター
修士2年)

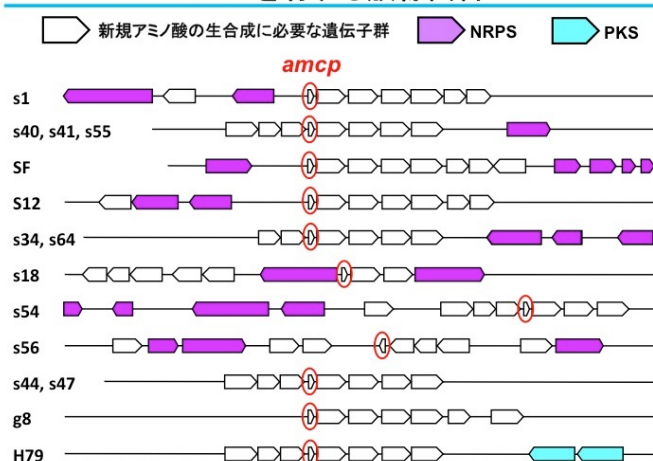
私の所属する研究室(以下、当研究室)では、全く新しいリジン・アルギニン生合成経路を見出した。この生合成経路では、 α -アミノ基にAmCP (Amino group-recognizing carrier protein)と名付けたキャリアタンパク質が結合し、 α -アミノ基がタンパク質によって保護されたままで以降の反応が効率的に進行する。さらにごく最近当研究室では、ある種の放線菌にはAmCPを介した類似の生合成機構が存在し、それによって、新規な、タンパク質の構成成分ではないアミノ酸が生合成されることを明らかにした。またこのアミノ酸を中間体としてペプチド系の新規天然化合物が生合成されることも明らかになり、AmCPを利用するシステムが、一次代謝産物だけでなく二次代謝産物の生産にも関与していることを示した。これらの生合成系はアミノ基に結合するキャリアタンパク質を介した新しい物質変換系と言え、AmCPの関与する二次代謝産物の生合成研究を行うことにより、まだ未開拓の新規な化学構造を持つ天然化合物を得ることができると期待される。本研究では放線菌におけるAmCPを介した物質変換系の分布を探索するとともに、それを利用して生合成される多様な天然化合物を同定することを目指した。

AmCP合成に関与する*amcp*遺伝子を指標としたPCRスクリーニングを848株の放線菌ゲノムに対して行ったところ、29株が*amcp*遺伝子とホモロジーを示す遺伝子を持っていることが示唆された。そこで、そのうちの17株のドラフトゲノムシーケンスを行い、13株で*amcp*遺伝子の存在を確認した。各菌株の*amcp*

遺伝子の周辺領域を解析した結果、これらの菌株の *amcp* 遺伝子の近傍には、二次代謝の多様性創出の鍵となる酵素である非リボソーム型ペプチド合成酵素 NRPS をコードする遺伝子が数多く存在しており、放線菌における AmCP を利用した多様な二次代謝経路の存在が示唆された。これらの遺伝子クラスターによって生合成される天然化合物の性質に関する情報は皆無であり、生物活性や吸光を指標とした従来の方法では化合物を検出・単離することができない。また通常の培養条件ではクラスターそのものが不活性の状態である可能性も考えられる。

そこで、目的とする化合物を同定するために、*amcp*遺伝子を持つ7株の遺伝子クラスターを異種放線菌に導入し、形質転換体の代謝物を網羅的に解析することで目的の遺伝子クラスターの生産物を同定することを試みた。その結果、そのうちの1株に由来する約70 kb に及ぶ長大な機能未知遺伝子クラスターを導入した形質転換体の代謝物中に、新たなペプチド系化合物の生産が認められた。同化合物は親株の培養液中にも見出されたことから、本研究によりその異種生産に成功したといえる。現在その新規な化合物の化学構造を決定しつつある。今後は本研究の成果を足掛かりに、他の菌株群の遺伝子クラスターの解析を進め、まだ未同定のAmCP関連二次代謝産物を同定してその多様性を明らかにしていきたいと考えている。

AmCPを有する放線菌群



新規 UDP-glucose pyrophosphorylase (CugP) の同定と水平伝播

前田 海成

(東京大学大学院総合文化研究科・生命環境科学系
修士1年)

UDP-グルコース (UDP-Glc) は真核・原核生物共にガラクトース代謝や多糖合成において重要な役割を果たす生体分子であり、そのUDP-Glcを合成する酵素である UDP-Glc ピロホスホリラーゼ (PPase) は、ほぼ全ての生物に存在する。しかしシアノバクテリアにおいては、大腸菌など他の原核生物に広く分布する酵素 (GalU型という) の遺伝子はごく一部の種に存在するのみである。これらの事実から我々はシアノバクテリアには新規のUDP-Glc PPaseがあるのではないかと予想した。

GalU型を含むNTP_transferase ファミリーに属するシアノバクテリアの蛋白質の系統解析によって、UTPを基質として結合する酵素にのみ、ヌクレオチド基質結合ドメインの直前に特異的なAla残基があることを見出した。このAla残基はシアノバクテリアに広く分布する未同定のタンパク質サブファミリーの一つにも保存されていたことから、この一群のタンパク質を新規のUDP-Glc PPaseであろうと予想し、その代表

として *Synechocystis* sp. PCC 6803の蛋白質Sll1558を大腸菌で発現させ精製し、基質特異性と活性値を測定した。その結果、この一群のタンパク質は、UTPとグルコース-1-リン酸に対する厳密な基質特異性を持つ新規のUDP-Glc PPaseであることがわかったので、我々はCugP (cyano-bacterial UDP-Glc PPase)と名付けた。前述したAlaをGlyに置換したタンパク質についても解析を行ったが基質特異性に変化が見られなかったため、このAla残基は基質特異性を直接決定づけてはいないと言える。一方でこの置換によりUTPへの親和性が少し下がったため、基質への結合に何らかの役割を担っているものと考えられる。

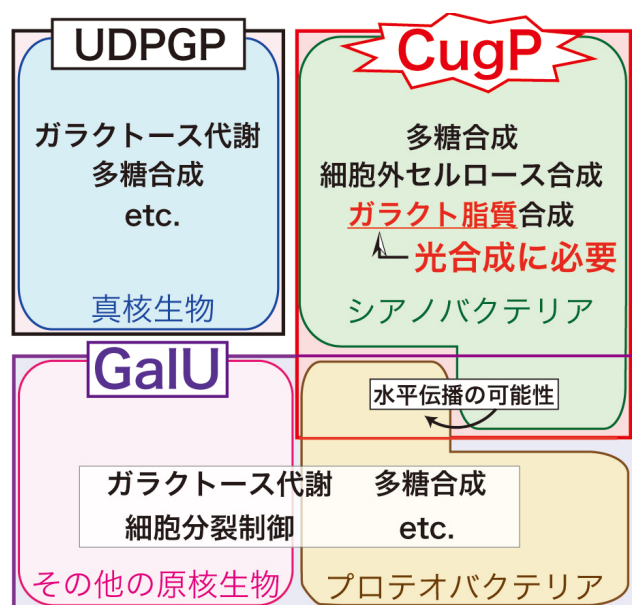
sll1558の遺伝子破壊株の作製を試みたが、目的とする遺伝子を完全には破壊できなかった。シアノバクテリアにおいてUDP-Glcはチラコイド膜の主要成分であるガラクト脂質合成の基質として重要な役割をもっており、この膜脂質合成は光合成能に必須であると考えられているので、全シアノバクテリアに存在するCugP型酵素はシアノバクテリアの光合成機能と強く結びついているのかもしれない。実際、sll1558の不完全破壊株ではクロロフィルの蓄積等に異常がみられた。また、シアノバクテリア以外では一部のプロテオバクテリアがCugPを持っているが、系統樹においてはそれらのバクテリアを含む枝がシアノバクテリアのCugP サブファミリーの内部で分岐すること、そしてそれらの近縁種にCugPが存在しないものもあることから、これらのバクテリアのCugPはシアノバクテリアから水平伝播したのではないかと考えている。(Maeda *et al.* J. Bacteriol., in press)

プラスミドと宿主染色体にコードされるMvaTホモログのホモ多量体・ヘテロ二量体形成機構

川妻 孝平

(東京大学大学院・農学生命科学研究科 応用生命工学専攻 修士1年)

一般に知られるように、ヒトは 2 mもの長さのDNAをコンパクトに畳んで細胞内に格納しており、こ



UDP-glucose を合成する 3 種の酵素の分布

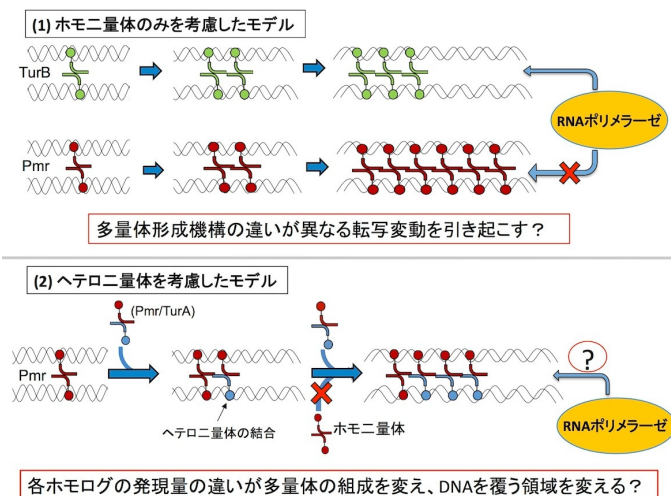


図1: H-NSファミリータンパク質Pmr, TurA, TurBによる転写制御モデル

(1) PmrとTurBでは多量体形成に重要な残基が異なることから、各タンパク質がDNAを覆う領域は異なり転写に違いが生じる。(2) 例えばヘテロ二量体の結合は、さらにその隣ホモ二量体結合を妨げるかもしれない。

の折り畳みの主役となるヒストンについては、ヒストンコード仮説に代表されるように修飾に至るまで多くの研究がなされている。一方で原核生物でも実はDNAが小さく折り畳まれているが、その事実についてはあまり知られていない。原核生物では、核様体タンパク質 (NAPs) と呼ばれるタンパク質がヒストン様の役割を果たしており、菌体内で各種のNAPsが絶妙なバランスで数百もの遺伝子の転写を制御すると考えられている。またNAPsは染色体だけでなく細菌間を水平伝播するプラスミドにもコードされており、宿主がプラスミドを獲得すると、プラスミド由来のNAPsが加わって新たな転写制御ネットワークが構築されると考えられる。

私の研究目的はこの各種NAPsの協調的転写制御メカニズムの解明であり、研究対象としてカルバゾール分解プラスミドpCAR1にコードされるNAPsの一種であるH-NSファミリータンパク質Pmrと、モデル宿主*Pseudomonas putida* KT2440株の染色体にコードされるTurA、TurBという3つのホモログ (アミノ酸配列でそれぞれ50-60%の相同性) を用いている。H-NSファミリータンパク質はDNA結合ドメインと二量体/多量体化ドメインを有し、多量体がDNAを折り畳むこと

で転写抑制に関わる。先行研究より、各ホモログはそれぞれ異なる遺伝子群を制御する事、DNA上の結合箇所はほとんど一致する事が明らかとなっており、この結果から各ホモログが持つ機能の異なる理由はDNA結合ドメインではなく、二量体/多量体化ドメインに起因するのではないかと考えられる。

今回の発表ではPmrとTurBでは多量体形成に重要な残基が異なることが明らかになり、この結果から相同性の高いH-NSファミリータンパク質間で多量体形成メカニズムが異なる事が示唆された。また、各ホモログはこれまで知られていたホモ二量体だけではなくヘテロ二量体も形成していることが明らかになり、さらにホモログの組み合わせによってはヘテロ二量体形成率に差が見られた。これらのことから、菌体内の各ホモログの発現量の比率の違いが多量体の組成を変え、DNAを覆う領域を変えたりDNAの高次構造を変えたりするのではないかと考えられる (図1)。

NAPsの研究は、真核生物のクロマチン構造の研究と比べてまだまだ未発展である。重要な研究だが複雑なのでなかなか解析が進まないことも多いのではないかとと思われる。今回の成果も細かい分子メカニズムの解明に留まっており、研究目標である包括的な解明までは長い道のりがある。しかし、個人的にはこのグローバルな転写制御機構は細菌集団内での一細胞の転写の「ゆらぎ」現象にも関わってくるのではないかと考えており、更なる解析が待たれる。

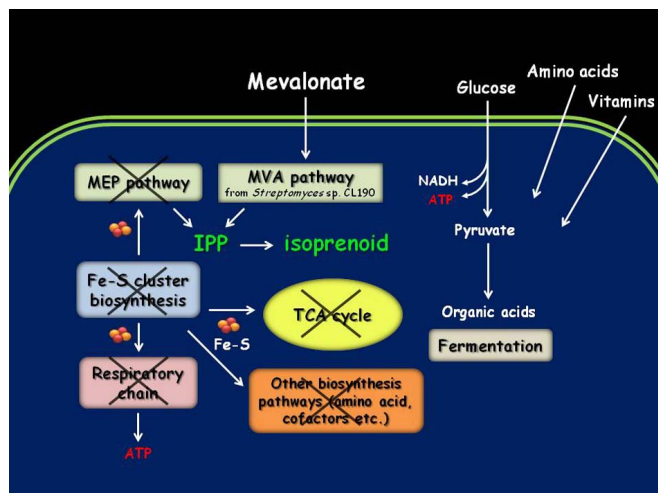
博士課程部門

イソプレノイド生合成系を改変した大腸菌における鉄硫黄クラスター生合成系の解析

田中 尚志

(埼玉大学理工学研究科・分子統御研究室
博士後期課程2年)

鉄硫黄 (Fe-S) クラスターは非ヘム鉄と無機硫黄原



鉄硫黄クラスターを全く作れない大腸菌変異株

TCA回路や呼吸鎖、MEP経路では複数のFe-Sタンパク質が機能している。Fe-Sクラスター生合成系を破壊すると、これらのFe-Sタンパク質が機能できなくなり、イソプレノイドが合成できなくなるため致死になる。放線菌由来のメバロン酸経路（Fe-Sタンパク質が関与していない）を導入することで、Fe-Sクラスター生合成系の必須性を回避できることを見出した。この変異株に、改変したFe-Sクラスター生合成遺伝子群を導入することにより、その影響を評価することが可能になった。

子から構成されるコファクターであり、このFe-Sクラスターを持つタンパク質は総じてFe-Sタンパク質と呼ばれている。Fe-Sタンパク質の構造と機能は多種多様であり、呼吸鎖電子伝達系などのエネルギー代謝から遺伝子の発現制御に至るまで、生命活動の根幹を担っている。そして、これらのFe-Sタンパク質の機能を支えているのがFe-Sクラスターの生合成系である。私たちの研究室では、世界に先駆けて2種類のFe-Sクラスター生合成系（大腸菌の*isc*オペロンにコードされるISCマシナリーと、*suf*オペロンにコードされるSUFマシナリー）を同定した。現在、これらのFe-Sクラスター生合成系がどのようにしてクラスターを作っているのか、そのメカニズムの解明に向けて研究を行っている。

Fe-Sクラスター生合成系（ISC、SUFマシナリー）はいずれも少なくとも6種類の成分から構成されている。これらの成分が互いに協調してFe-Sクラスターを組み立て、最終的にアポ型タンパク質（クラスターを

未だ保持していないFe-Sタンパク質）にクラスターを渡しているが、その具体的な機構については不明な点が多く残されている。解析が進まない要因のひとつは、Fe-Sクラスター生合成に関わるほとんどの因子が生物の生存に欠くことができない点である。私は、なぜFe-Sクラスター生合成系は生物の生存にとって必須なのか？という視点から、大腸菌のもつ124種類のFe-Sタンパク質の機能について見直してみた結果、イソプレノイド生合成に関わる2種類（MEP経路のIspHとIspG）のみが必須遺伝子であることに気付いた。一方、放線菌や真核生物のイソプレノイド生合成経路（メバロン酸経路）にはFe-S酵素が関与していない。そこで、大腸菌のMEP経路をメバロン酸経路に改変すると、Fe-Sクラスターを持たなくても生育可能な大腸菌がつくれるのではないかと考えた。様々な条件検討の末、放線菌のメバロン酸経路に改変した上で、Fe-Sクラスター生合成系の完全欠損株を作り出すことに成功した（図を参考）。この変異株を用いることにより、Fe-Sクラスター生合成系のあらゆる遺伝子群を自在に改変・操作・解析することが可能になった。

実際にこの実験系を用いてISCとSUFについて解析したところ、これまで得られなかった多くの知見が得られつつある。この *in vivo* 実験系から得られた知見を足掛かりとし、さらに生化学的な解析を発展させ、最終的にはISCとSUFマシナリーの作動メカニズムの全容を明らかにしていきたいと考えている。

一方、大腸菌以外の生物に目を向けてみると、Fe-Sクラスターの生合成系には著しい多様性が見られる。今後は、クラスター生合成系の本質を理解するために、大腸菌変異株での相補実験を行なうことにより、異種生物由来のクラスター合成系の解析も行っていきたいと考えている。各クラスター合成系の特性と共通するメカニズムを明らかにできれば、クラスター合成系の多様化の生理学的／進化的意義を、バクテリアの生存戦略と関連付けて理解できるのではないかと期待している。

水平伝播による腸内細菌目 16S-rRNAの進化

佐藤 允治

(東京大学新領域創成科学研究科・
メディカルゲノム専攻 博士後期課程1年)

16S-rRNAはリボソーム30Sサブユニットの中心骨格を成しており、翻訳に於いて極めて重要な役割を担う大変重要な分子である。リボソームは巨大なタンパク質-RNA複合体であり、rRNAは数十のリボソームタンパク質と協調的に働くことにより機能する。その複雑さと重要な分子であることから、16S-rRNA遺伝子は水平伝播しない種固有の遺伝子と考えられてきた。そのため、16S-rRNA遺伝子は系統解析において幅広く用いられてきた。

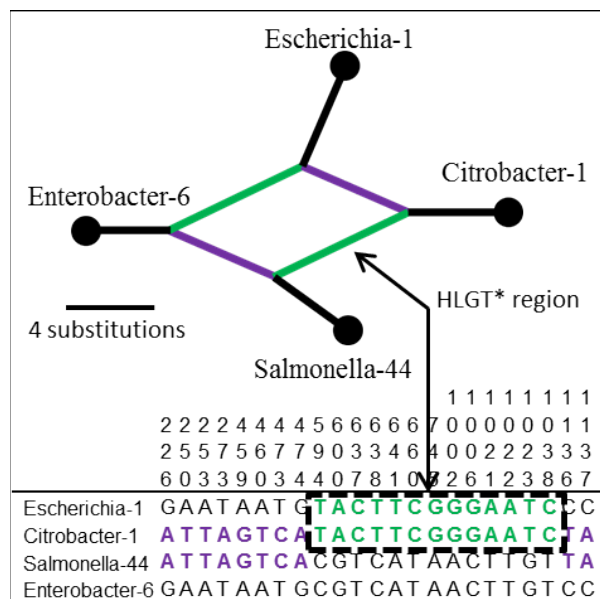


図1. Escherichia、Salmonella、Citrobacterの16S-rRNAの系統ネットワーク。

Enterobacterが外群で、最も古くから存在する系統と考えられる。CitrobacterはSalmonellaの594-1038領域がEscherichiaへと水平伝播することにより生じた配列と考えられる。

*HLGT : Hypothetical Lateral Gene Transfer

この伝統的な仮説に対して、16S-rRNA遺伝子の水平伝播も報告されてきている。中には、*rrn* operonが丸ごと異種のものと置き換わっているような例も報告

されており、少なくとも、16S-rRNA遺伝子は全く水平伝播しないという考えは正しくないと言える[1]。実際、実験的に大腸菌の16S-rRNAを異種由来のものと置換する実験も行われており、綱を超えて異なる16S-rRNAでも大腸菌の生育を相補しうることも示された[2]。このように、実験的に16S-rRNA遺伝子が水平伝播し得ることが示され、また、自然界においても水平伝播を示唆する事例が存在する。

本研究の位置づけは、16S-rRNAの水平伝播についての、データベースを用いた網羅的解析である。水平伝播を網状構造で表現できる系統ネットワーク法を用いて解析を行うことにより、水平伝播の有無のみならず、水平伝播が16S-rRNAの進化にどのように寄与してきたのかも明らかにする。本研究は、解析対象の分類群として、データベースが充実している腸内細菌目を選択し、共生細菌とCandidatusに分類される細菌を除くすべての細菌の16S-rRNAをゲノム配列から抽出して解析に用いた。

解析の結果、多くの系統ネットワークにおいて水平伝播の存在を示唆する網状構造が見られた。水平伝播が少なくとも二回以上生じていることを示唆する系統ネットワークも多数見られ、高頻度に16S-rRNA遺伝子の水平伝播が腸内細菌目で生じていることがわかった。これらの結果は、16S-rRNA遺伝子が全く水平伝播しない遺伝子だという伝統的な考え方が誤っていることを示している。面白いことに、系統ネットワーク解析に用いた16S-rRNAの多くが固有の塩基置換をあまり持たないことに対して、網状構造は巨大である場合が多かったことで、これは、16S-rRNA遺伝子の多様性が点突然変異よりも水平伝播によって生じているということを示唆し、水平伝播が16S-rRNA遺伝子にとって主たる進化の原動力である可能性を示す。この理由については、16S-rRNAが機能を果たす上では、配列そのものと言うよりは二次構造が重要であるという過去の知見によって説明がつく[2]。二次構造を破壊する点突然変異よりは、二次構造を保ったまま変異を導入する水平伝播の方が進化の原動力となりやすいのであろう。

1. R. Lan and P. R. Reeves: Microbiology 144:1213–1221 (1998).
2. K. Kitahara, Y. Yasutake and K. Miyazaki : Proc. Natl. Acad. Sci. Usa, **109**, 19220 (2012).

「博士研究員以上」部門

高油脂生産緑藻変異株における原因因子の探索

早川 准平

(中央大学 理工学部 生命科学科・専任研究員)

微細藻類は水と太陽光とCO₂を利用して生育し、我々の生活環境中に普遍的に存在する光合成微生物である。藻類は窒素飢餓に陥ると脂質を蓄積することから、近年、バイオ燃料生産において食料と競合しないバイオマスとして注目されている。その研究開発は国内外で活発に行われており、海外では巨額の投資と広大な土地を利用し、大量培養技術は実用化のレベルまで進んでいると言われている。一方、国内においては限られた国土のため大規模な培養には制約があり、遅れを取っていることは否めない。そのため、実用化には「地域集約的かつ効率的」な培養から燃料化までのトータルプロセスの最適化を図ることが急務となっている。

私の研究対象である*Pseudococcomyxa ellipsoidea*は近年環境中から単離された油脂生産性の緑藻であり、低pHで培養可能なことから、混入するバクテリア、原生生物、他種藻類などの増殖を抑えつつ、屋外開放系においても長期間培養することが可能である。

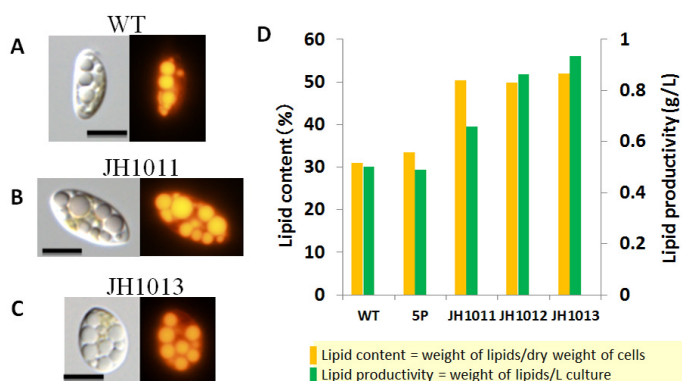


図1：高油脂蓄積変異株の油脂生産性評価

A-C：Nile redによる油脂の染色 (Bar = 5μm) D：油脂含有量および油脂生産性の比較 (2週間、連続光培養) WT=野生株、5P=低クロロフィル含有変異株、JH1011-JH1013=5P由来高油脂蓄積変異株。変異株においては油滴の大きさ、数が増加している。

もちろん、前述の問題を解決して商業的な藻類バイオ燃料を生産するためには、遺伝子工学や代謝工学を駆使した藻類の改良が不可欠である。ただ、高い油脂生産性を達成するために必要な藻類の炭素同化機構の解明は、その「ネットワークの複雑さ」のために、いまだに十分に理解が進んでいない現状である。

我々はこれらの問題の解決に取り組むにあたり、突然変異株を用いた遺伝学的なアプローチによる有用形質の選抜とその解析を進め、それによって炭素代謝の理解を深めれば、実用化へ大きく前進できるのではなかろうかと考えた。この目的のために、すでに得られている「低クロロフィル含有突然変異株」を「親株」として、今回3株の「高油脂蓄積株」を独立に取得して解析した。その結果、これらの変異株はすべてDYRK (dual-specificity tyrosine phosphorylation-regulated kinase) 遺伝子の変異に起因することがわかり、さらに、これらの株の油脂生産性（油脂含有量×バイオマス生産量）が最大で1.8倍も向上していることを確認した（図1）。また、これらの株の変異はすべてリン酸化触媒ドメインに集中していることがわかったので、変異によってDYRKの機能が低下しているのではないかと推測した。次いでDYRK遺伝子の発現を解析すると、野生株では転写量が油脂蓄積条件である窒素飢餓の進行とともに増加することが確認され、変異株では野生株よりも10倍以上の転写量の増加が確認された。これは、DYRK活性によって制御されるフィードバック機構が存在することを示唆するものであり、それが油脂の蓄積量の制御に関与しているものと考えられる。さらに、油脂の合成および代謝に関連するいくつかの遺伝子について解析を行った結果から、変異によって油脂の分解が進まなくなり、その結果として油脂の蓄積量が増加したものであると考えられる結果を得た。酵母におけるDYRKの相同遺伝子は、転写因子をリン酸化することで機能調節を行っていることが知られているので、これらの知見も踏まえて、今後はDYRKと油脂代謝関連の遺伝子とをつなぐ要素の探索を行い、未だ不明な点の多い藻類の炭素同化経路について理解を深めていきたいと考えている。

【本研究は農林水産省ならびにNEDOの支援を受けて行われたものである。】

バイオ産業支援企業から見た 高速シーケンサー時代のゲノム微生物学

北川 正成

(タカラバイオ株式会社)

タカラバイオ株式会社は、2002年4月に前身である宝酒造株式会社（現・宝ホールディングス株式会社）・バイオ事業部門から分社独立して発足しました。当社は、バイオ事業の開始以来、一貫して遺伝子・DNAに係る事業を発展させてきました。1979年に国産初の制限酵素を発売してバイオ産業支援事業（旧：遺伝子工学研究事業）がスタートし（<http://www.takara-bio.co.jp/kaisha/research.htm>）、現在では、バイオテクノロジー研究に必須な研究用試薬や理化学機器・研究受託サービスを欧米やアジアを含む世界中の研究者に提供しています。私自身は、当社が制限酵素を研究用試薬として発売した当時のことを知りませんが、大学の卒業研究で所属した研究室で初めて制限酵素を用いた遺伝子工学実験を行った時に、とても高価な試薬なので慎重に取り扱うように注意されたことを記憶しています。

ご存知の通り、ゲノムの塩基配列決定技術はこの10年間余りで革新的な進歩を遂げました。その結果ゲノム解析のコストは格段に下がり、その利用はコモディティ化し、だれもがゲノムデータを研究に利用できるようになりました。

当社は、このようなゲノム解析のコモディティ化を積極的に推し進めてきた立場にあったと思います。今になって思えば、その始まりは、制限酵素の製品化を行なったころにすでにあったものと思います。現在も「先端技術をすべての研究者へ届ける」ということが根本的な企業理念のひとつです。私自身がこの企業活動の中で最初に行ったのも、DNA塩基配列決定技術のキット化というものでしたから、現在の私自身も相変わらずということかもしれません。例として最適かどうかわかりませんが、当時はM13ファージのIG領域を大腸菌プラスミドに組み込んで、シーケンスの鋳型となる一本鎖DNAを調製する技術が出回り始めたころでした。この技術のもとであるMessing博士の論文

を参考に、誰もが失敗なく鋳型の調製をできる方法として普及させることに苦心しつつ、いかにして効率的に（つまり「楽をして」）塩基配列決定を行うかを追求していました。当社の製品開発の基本はだいたいそういうもので、いかに「楽をして」研究を進めるか、というコンセプトが原点にあると思います。DNA sequencing kitしかり、DNA ligation kitしかり、最近ではIn fusion cloning kit（これはClontech社のブランドですが）しかり。大腸菌コンピテントセルを製品として販売したのも当社が最初ではなかったかと思っています。

そういう中で、なんといってもPCR技術の登場は、当社にとっての社運の転換点であったと思われます。1988年にPCR法による遺伝子増幅システムの国内独占的販売権を獲得して始めた事業でしたが、その後、1993年にPCR技術の非独占的な開発・製造・販売権を獲得して、自社製PCR製品の販売が始まりました。開発された「PCR製品」の中には、現在も広くご愛用いただいているTaq DNA polymeraseを様々な形に発展させた製品群があり、LAテクノロジーを生かした「長くかつ正確に」増幅するEx-TaqやLA-TaqといったPCR酵素もあります。また、様々な高熱性の菌株コレクションからスクリーニングして得られたDNA polymerase遺伝子をクローン化し、さらにその変異体を構築し、あるいはDNA複製装置のパーツ酵素を取得し、PCR反応のブラッシュアップを繰り返して、現在のPrimeSTARシリーズやMightyAmp、Tks Gflex DNA polymeraseといった製品ラインアップが生み出されてきました。PCR技術はその後、定量PCR法へ発展し、単にDNAを増幅する技術から、検出測定技術としてのアプリケーションの開発に進み、たとえば環境病原微生物等の検出と定量などの当社製品へと発展しています。特に、PCRの弱点である「死菌」のDNAでも増幅が起きるという問題点を解決するために開発されたEMA-PCRを利用した「生菌」検出キットは、今後の活用分野の広がりを期待している製品です（図1：EMA-PCRの原理を参照）。

ところで、DNAの塩基配列の決定方法は、1990年ごろはラジオアイソトープ（P32）ラベルのdCTPなどを使用した方法が一般的で、自動蛍光DNAシーケ

センサーは一応存在したものの、まだ実用レベルには達していませんでした。タカラバイオがゲノム解析という事業に踏み出そうとしていたのは、そういう状況の中で大腸菌ゲノムプロジェクトが立ち上がるということで、京都大学ウイルス研究所の由良先生の研究室に相談に行ったり、当時は日本に数台しか入っていなかったABI社の自動蛍光DNAシーケンサーを京都大学生物物理学教室（小関研）の井口先生に試用していただいたり、神戸大学の磯野先生にデュポン社製のシーケンサーを試していただきながら、日立製作所製のシーケンサーのための解析試薬キットの検討を試行錯誤していました。それぞれの装置は原理的にも、その試薬の面でも一長一短でしたが、最終的にはABI社のシーケンサーが、蛍光ジデオキシターミネーター法やサイクルシーケンシング法、あるいは装置のキャピラリー化などの様々な改良を加えて勝ち残ったところで、日本の試薬企業として取り残されてしまったのは少々残念なところです。

そんな中、当社は2000年にドラゴン・ジェノミク

ス株式会社を設立し、45台のキャピラリー型の自動シーケンサーとサンプル自動調製ロボットおよび大型計算機サーバーを装備して、日本では最初のゲノム解析サービスを開始しました。その当時のゲノム解析では、ショットガン法で大量高速に大腸菌クローンライブラリの鋳型プラスミドをシーケンシングしたデータをベースコーラーソフトやアセンブルソフト等で処理してドラフトゲノムシーケンスを作成し、空いたギャップ部分のDNA断片をPCRで取得して、それらをまたショットガン法でシーケンシングするということで完成させていました。ドラフトゲノム解析にはゲノムサイズの5倍から10倍程度の冗長度のデータが必要でしたので、比較的ゲノムサイズの小さな細菌のゲノムでも、そのコストは数千万円にも達していました。したがって、ゲノムデータを使うことが研究の進展にとって極めて有用であることはわかっていても、実際にシーケンシングする予算を持っている研究者はそう多くなく、年に数株の細菌ゲノムを決定するという需要にとどまっていた。また、当社が企業としての受託

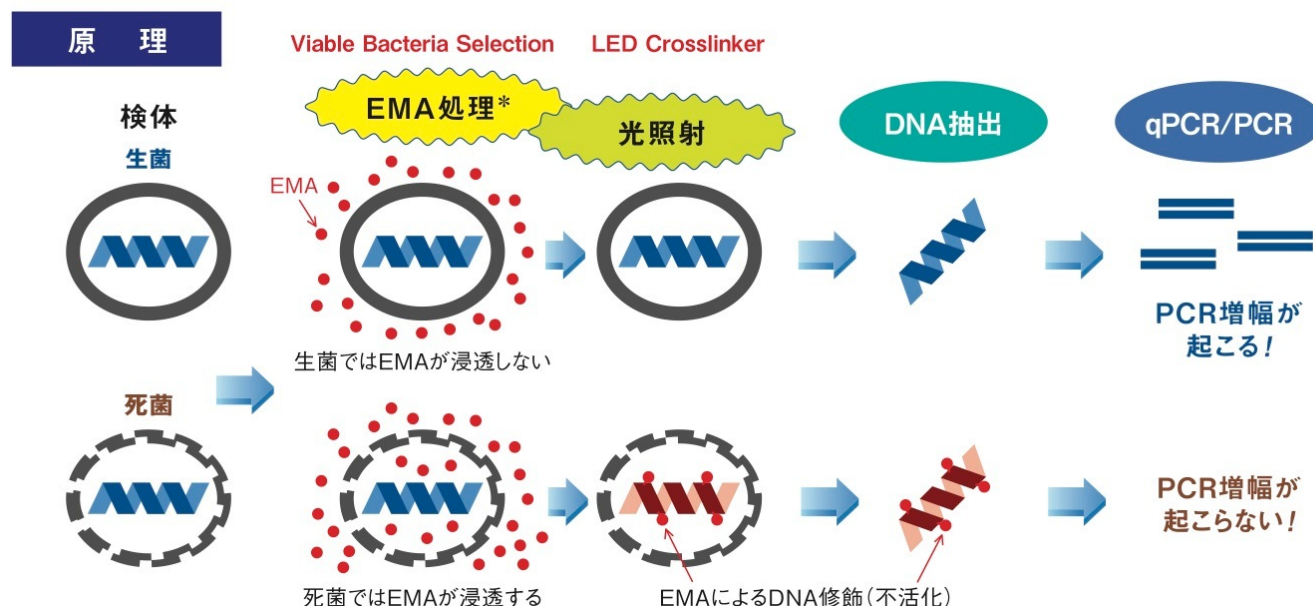


図1：EMA-PCRの原理

EMAは可視光に暴露すると、核酸に共有結合する色素である。生菌を含む検体にEMAを含む試薬を添加して光を照射しても生菌では薬剤が内部に浸透せずDNAへの化学修飾は起らない。一方、死菌由来DNAやその他、検体に含まれるDNAはEMAによって化学修飾される。EMAにより修飾されたDNAは、PCR反応の鋳型とならず遺伝子増幅できないため、EMA処理後のPCR法による検出では生菌由来DNAのみが検出される。【※ EMA (Ethidium monoazide)：可視光の光照射によりDNAに共有結合するインターカレート色素】

解析サービスを提供する一方で、官製の施設や大学などのアカデミア施設が共同研究などの形で「実費」での解析サービスを提供されてきたこともあり、商売としてはかなり苦戦していました。

そこでそれに対抗する手段として、ゲノムデータが専門でない研究者への啓蒙を行いながら、顧客に使いやすいデータの提供やデータの閲覧手法の開発にも力を注ぎ、さらに、ゲノムデータの活用の出口としてのDNAマイクロアレイの設計作製サービスとそれを使った遺伝子発現解析も受託し、研究手法として普及させてきたことが、海外からのサービスに対抗する能力を鍛えてくれたのかもしれない。また、このように日本の研究社会の中にゲノム解析の文化を広めながら企業活動を推し進めてきた姿勢は、やはり制限酵素開発以来の当社の伝統ではないかと思います。

この受託解析サービスにおいては、その後の次世代シーケンサーの登場にもいち早く対応し、「先端技術をすべての研究者へ届ける」ことに努力してきました。

た。残念ながら、次世代シーケンサーはすべて海外製のため、日本国内での事業展開には様々な不利益を被る点もありますが、バイオインフォマティクスを含めたサービスの品質向上という点では、このゲノム微生物学会の研究者の方々からのニーズに多くのヒントをいただけてきたと思います。

また、試薬の開発面でも、次世代シーケンサー時代に求められる試薬酵素の性能と品質を追求し、たとえば、PCR系全体に混入するDNAレベルを下げ、そのうえで真のPCR感度を保持した試薬の開発などに成功しています（図2：TaKaRa Taq™ HS Low DNAの性能を参照）。

以上、ゲノム微生物学との関わりのある試薬製品と受託解析サービスを主として書かせていただきました。現在のこれらの当社製品やサービスの需要の中心はアカデミアの研究者ですが、今後、ゲノムデータの活用が社会の発展にますます寄与していくことを証明し、ゲノム解析の利用がより広く実用分野へ展開していくように、ゲノム微生物学会が他の微生物関連学会などと連携してアピールするような活動を推し進めていただくことを期待しています。

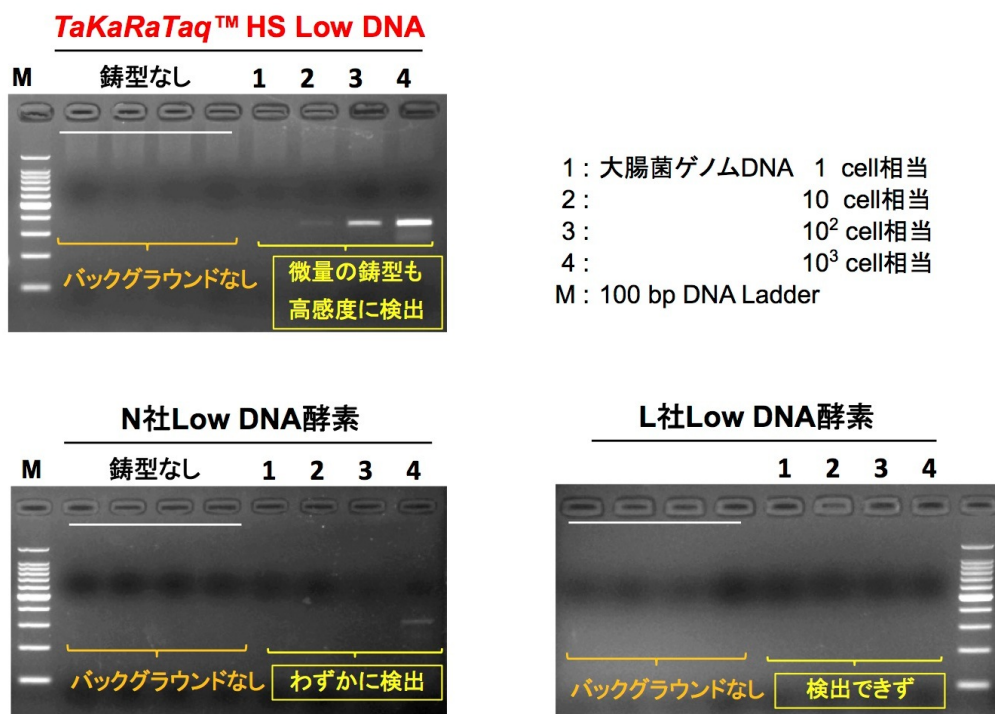


図2：TaKaRa Taq™ HS Low DNA の性能

大腸菌16S rDNA348 bpをターゲットに、各社推奨条件で35サイクルのPCR増幅を行った。TaKaRa Taq™ HS Low DNAは、鑄型なしの反応におけるバックグラウンドはしっかり抑えつつ、微量のターゲットを他社製品よりも短時間で高感度に検出可能であった。

大学院生として学会に参加して

研究室の外に出ることについて

丸山 徹

(早稲田大学大学院・先進理工学研究科・
生命医科学専攻・修士課程2年)

私は昨年の夏にカリフォルニア大学ロサンゼルス校 (UCLA) の短期留学プログラムを利用して、ヒト初期胚の単一細胞トランスクリプトーム解析などで有名な Prof. Guoping Fan[※]の研究室に留学しました。10週間という短い期間でしたが、それまで海外旅行も体験した事の無かった私にとって、非常に刺激的な経験となりました。

留学する前、私は日本で留学生と英語でコミュニケーションを取ることが比較的出来ていたの、アメリカでの生活もどうかやっていけると甘く考えていました。そのため、現地に到着してからネイティブの会話が私の想像よりもはるかに速いことを知り、自らの英語力不足に気付かされたときには愕然としてしまいました。特に、留学先で出会った中国人留学生と交流する中で、彼らが私よりもはるかに語学に堪能であり、国内の凄まじい競争を勝ち抜いてきていた事を知った時には、自分の矮小さに大きなショックを受けました。

このように、アメリカに到着してあっという間にダメージを負ってしまった私も、留学先の研究室で出会った人たちに親身に接して頂いたおかげで、非常に良い時間を過ごすことができました。彼らとは今でも連絡を取っていて、現地で始めた研究は引き続きアドバイスを貰いながら進めることが出来ています。

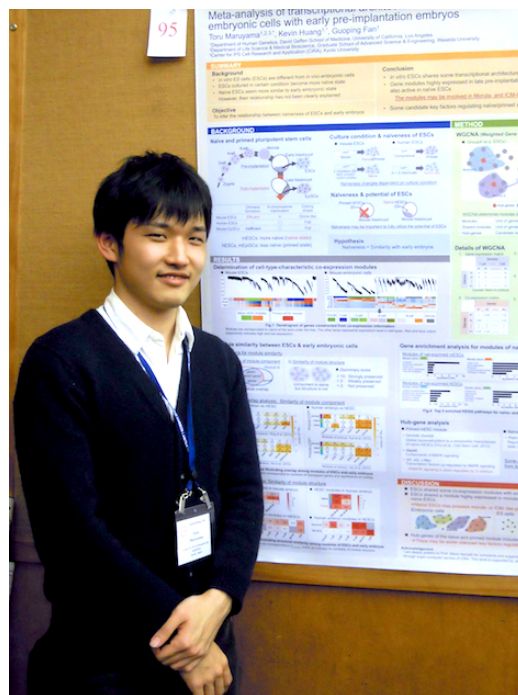
今になって振り返ると、ショックを受けるような経験も含め、留学先で出会った人や物事が自分の考え方を変えるきっかけになっていることが分かります。それは、例えば「日本で通用するレベルの英語」から「海外で生きていけるレベルの英語」へと意識する基準が変わったように、また、海外での研究が少しだけ身近な物になったように、日頃から私が抱えている評価の物差しを変えるような出来事であったからだと思います。

第8回日本ゲノム微生物学会は私にとって初めての

学会発表でしたが、私はそこでも同じような感想を持ちました。年令の近い年代の修士・博士課程の学生が発表する研究成果を目の当たりにしたとき、自分の至っていない点にもどかしさを感じましたが、それ以上に自分の研究をもっと高めていきたいという意欲を得ることが出来ました。また、懇親会で他機関の研究者の方々から聞いた、研究者としての生き方やこれまでの経験談など、普段仲間の学生に囲まれた環境にいては聞くことが出来ないお話は、今後の自分自身のあり方に大きな影響を与えるだろうと感じています。

留学や今回の学会参加を通して、自らの研究のモチベーションを得るためにも、凝り固まった考え方をほぐすためにも、慣れ親しんだ環境の外へ出て、普段顔を合わせることの無い人たちと交流することは本当に重要だと感じました。是非、来年の第9回日本ゲノム微生物学会にも参加させて頂きたいと思います。そして、そこではより面白い研究成果を披露できるよう、日々研究に精進したいと思います。

※Xue *et al.*, Genetic programs in human and mouse early embryos revealed by single-cell RNA sequencing. *Nature*, 500: 593-597 2013.



コールドスプリングハーバー研究所にて学会に参加しました。レベルの高さに衝撃を受けました。

微生物のゲノムにみられる鉄硫黄 クラスター生合成系の多様性

横山 奈央

(埼玉大学大学院理工学研究科
分子統御研究室 博士前期課程2年)

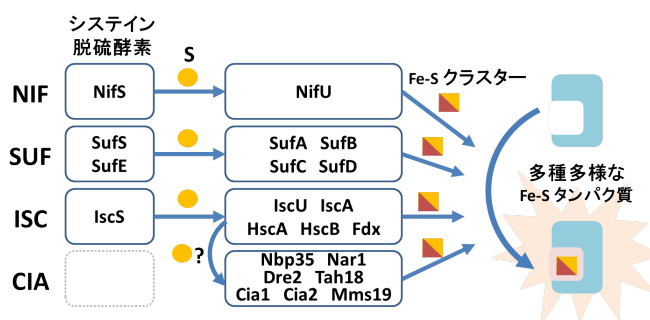
2014年3月、修士1年生のときに、東京農業大学で行われた第8回日本ゲノム微生物学会年会に参加し、ショートトークとポスター発表をさせていただきました。この学会では、普段触れることのない分野の方々とともに議論させていただくことができ、自分の研究を客観的に見つめなおす大変良い機会となりました。

鉄硫黄 (Fe-S) クラスターをコファクターとして持つFe-Sタンパク質群の構造と機能は多種多様で、生命活動の根幹を担っています。このFe-Sタンパク質の機能を支えているのが、「Fe-Sクラスターの生合成系」です。これまでに4種類の生合成系が同定されており、そのうち、NIFマシナリーは、窒素固定細菌や一部の微好気・嫌気細菌に分布しています。SUFマシナリーは原核生物全般から植物の葉緑体に、ISCマシナリーはプロテオバクテリアから真核生物のミトコンドリアに分布しています。CIAマシナリーは真核生物の細胞質に局在する生合成系です。

これらの生合成系の作動機構（複数のタンパク質がどのように協調してFe-Sクラスターを組み立てているのか？）、さらに、タイプの異なるマシナリーのそれぞれの特性（生合成系の多様性は生存戦略とどのよう

に関連しているのか？）を明らかにすることが、重要な課題として残されています。

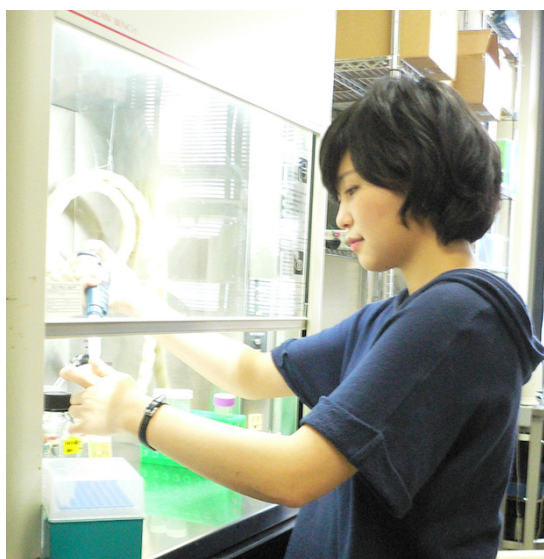
Fe-Sクラスターの生合成系の解析が進まない大きな要因として、関与する遺伝子群が生育に必須なため遺伝学的なアプローチに限界のあることが挙げられます。当研究室では最近、大腸菌のイソプレノイド合成経路を改変することで、Fe-Sクラスターを作れなくても生存できる大腸菌変異株（*isc*と*suf*オペロンの二重欠損株）が構築され、この問題に対する突破口が見出されています（田中ら、2014、第8回日本ゲノム微生物学会ポスターなど）。



Fe-S クラスター生合成マシナリーの成分比較

一方、グラム陽性細菌である枯草菌のゲノムには*suf*様 (*sufCDS-iscU-sufB*) オペロンがコードされており、これらの産物がFe-Sクラスターの合成を担うと予想されています。興味深いことに、この生合成系は、大腸菌のISC/SUFマシナリーの成分が入り交じったハイブリット型です。私は、このユニークなSUF様マシナリーの特性を明らかにすることを計画し、研究を進めています。これまでに、枯草菌のイソプレノイド合成経路を改変することによって、必須である*suf*様オペロンを欠失させることに成功し、Fe-Sクラスター生合成系の遺伝子群を操作できる実験系を構築することができました。第8回日本ゲノム微生物学会では、この系を用いて、異種生物由来のタイプの異なる生合成マシナリーを導入し、機能的な互換性を見出したことについて発表させていただきました。

「Fe-Sクラスターの生合成」という研究テーマも、微生物の多様性に着目することで、より理解が深まるはずです。今後、さらに面白く展開するにはどうすればよいか？ 現在の研究テーマを様々な視点から見つめるとともに、新たな知識を求めて常にアンテナを張っていきたいと思っています。



第8回日本ゲノム微生物学会年会を終えて

日本ゲノム微生物学会第8回年会を、2014年3月7日（金）～9日（日）の3日間、東京農業大学（東京都世田谷区）にて開催致しました。事前登録者262名、当日参加者182名、合わせて444名という多数の参加者を得て、盛況のうちに終えることが出来ました。組織委員として本学及び関東近辺の大学から10名の会員にお願いしましたが、組織委員の方々のご尽力のおかげで大変効率よく企画、運営を行うことが出来ました。いくつかの新しい試みと反省材料も含め、東京大会の報告を致します。

プログラム編成は、通常大変に労力のいる作業ですが、カテゴリーを比較的細かく分けて演題登録を依頼したため、演題数を集計して組み合わせるだけでスムーズに運ぶことが出来ました。また、ポスターを3日間貼りっぱなしとし、恒例になったショートトークをポスター発表より先に行うよう調整しました。ポスター賞の選考に当たっては、多くの若手、中堅の先生方に多大なご尽力をお願いしてしまいましたが、期間中貼りっぱなしだったことが結果的に見る時間の確保に繋がり、公平性の確保のために役立ったと思います。

講演に関する特徴としては、2つのシンポジウムを2日間に分けて組み込み、口頭発表にインパクトを与えました。2つのうち1つは、前々回から引継ぎ、海外から招待した若手研究者を中心に最新のトピックスを語っていただき、異分野の融合につなげました。もう1つは、比較的参加者が少ない応用微生物の分野に焦点を当て、ゲノムから醗酵・醸造へのアプローチを紹介していただきました。こうした取組が、新規会員の獲得と学会の発展に寄与できれば幸いです。

一般講演は各研究室から1人という従来の方針を踏襲し、すべて採択しました。講演時間を若干削ったためスケジュールがタイトになってしまった点は反省材料です。学会の拡大と発展を目指しつつ、限られた時間内で有意義な討論を行うためにどうバランスを取っていくかは、引き続き考えていく必要があります。学部学生の参加費無料措置は、多くの賛同の声をいただきました。これを機にゲノム微生物学に興味を持つ若い力が育ち、学会を牽引する新しい時代の息吹に発展することを願いつつ、次回にバトンを渡したいと思います。

年会長：吉川 博文（東京農業大学・応用生物科学部）



年会会場入り口（左）と会場内の様子（上）：会場は広すぎる位でゆったりとしており、音響効果もよく、時折パソコンの切り替えに伴う軽度のトラブルがあった他はすべて順調に進みました。すべて吉川年会長を始めとする関係者のご努力の賜物です。ご苦勞様でした。



ゲノム微生物学会「若手賞」授賞式

今年から新しく設けられた本学会の「若手賞」は、東京大学新学領域創成科学研究科の矢原耕史（やはらこうじ）氏に授与されることが決まり、年会で表彰式と受賞講演が行なわれた。



ショートトーク

本学会の年会では恒例となった、主として大学院生のポスター発表者を対象としたショートトークで順番を待つ発表者。それぞれ2分の持ち時間内に、自分のポスター発表の概要とそのアピールする点を聴衆にうまく伝えることが求められる。ショートトークは、こじんまりした年会だからできる発表形式として概ねポジティブに評価されている。

ポスター会場風景

ポスター会場はどの年会においても常に多勢の参加者で混雑し、発表者と参加者の熱意が伝わってくる。しかし、このように背中合わせになるとゆっくり議論するのは難しいのではないか。



第9回日本ゲノム微生物学会年会

第9回日本ゲノム微生物学会年会は、平成27年3月6～8日の日程で神戸大学にて開催されます。

第9回年会のお世話をさせていただきます神戸大学農学研究科の吉田です。会場は本学六甲台第2キャンパスの百年記念館（神大会館）です。会場のあるキャンパスは六甲への登山口となる丘陵地に位置しており、眼下には大阪湾を望むパノラマビューが広がります。天候が良ければ対岸に関西国際空港、そこから発着する飛行機までもが見える眺望は申し分ありません。ただ、この高さまで登ってきて頂く必要があるのが玉に傷。お越しの際は最寄りの阪急六甲から通称「定年坂」（休みのない急坂。上がれなくなったら引退の潮時？）を10～15分ほど徒歩で登って頂く必要があります・・・と言うのは冗談で、バスやタクシーを利用することもできますのでご安心ください。阪急六甲から神戸三宮へは僅か10分弱ですので、交通やご宿泊にご不便をおかけすることはないと思います。唯一の心配は、会場ホールが300人で一杯と手狭なことです。おそらく年会として初めての試みとなりますが、ホール外にスライドを映写して音声を流すなど、収容不足を補う工夫を計画しております。何れにしましても、皆様のご協力を得て、実りあるディスカッションと活発な交流を促すお手伝いができれば世話人一同この上ない喜びです。皆様のお越しを心より歓迎申し上げます。

第9回日本ゲノム微生物学会・年会長 吉田 健一（神戸大学）



会場からの市街地の眺望（左）



会場外観（上）

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

全個人会員数 444名（平成26年5月19日現在）

正会員 334名；学生会員 110名

賛助会員 19 団体；機関会員 2 団体