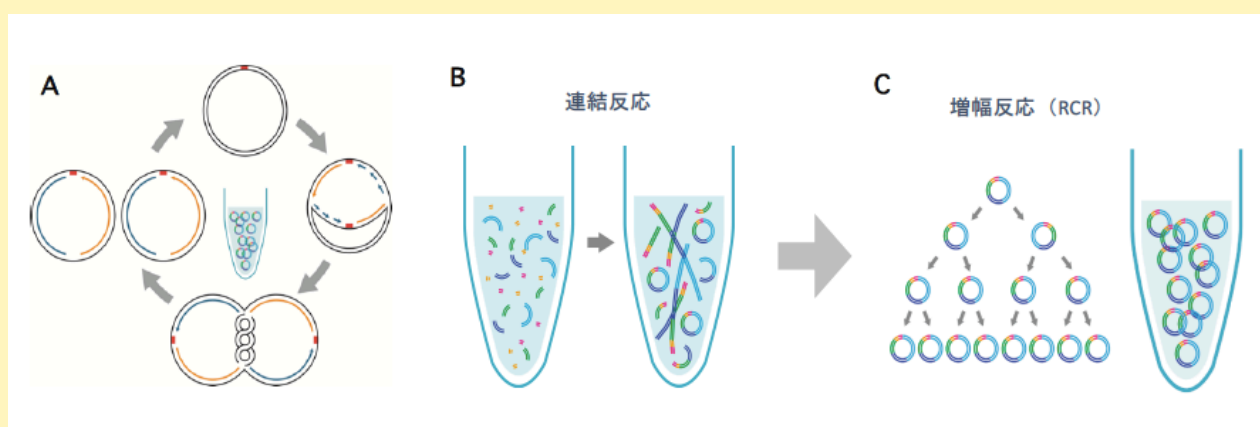


日本ゲノム微生物学会 ニュースレター

大腸菌を使わない無細胞DNAクローニング技術 末次正幸（立教大・理・生命理学）

DNAクローニングは、近年かなり簡便化されてきたものの、大腸菌を使わざるを得ないところで、やはりまだ手間を要し、トラブルもつきものである。我々は最近、細胞宿主を使わない、混ぜて温めるだけのDNAクローニング技術を開発した（Su'etsugu et al., 2017 NAR）。



【複製サイクル再構成系】

大腸菌由来の精製タンパク質（25種）を混ぜ合わせ、染色体の複製サイクルを試験管内に再構成した（図A、RCR: Replication Cycle Reaction）。複製サイクルが等温で何度も繰り返されるので、複製起点*oriC*（0.3 kb）を持つ環状DNAの指数増幅が達成される。染色体複製系ならではの抜群の複製正確性と長鎖DNA増幅能を持つ。

【RCRをもちいた無細胞クローニング】

目的のDNA断片（多断片でも可）を*oriC*カセットと連結環状化する（図B、Gibson Assembly等）。環状となった連結産物が一部でも生じていれば、RCRにより、それが選択的に増幅される（図C）。大腸菌から抽出したものと同じスーパーコイル産物が数十ng/μlほど得られる。一度増やした環状DNAは、新たな反応液を用いて、何度でも継代増幅可能である。

論文では200 kbを超える巨大な環状DNAの増幅も報告している。本技術によりゲノム丸ごとの人工合成も可能ではないかと考え、現在検討を進めている。

ゲノム微生物学分野の研究動向

生命進化のメカニズムに迫る “正道”としての微生物ゲノム解析

岩崎 渉

東京大学・大学院理学系研究科

はじめに

本欄への執筆依頼をいただいたのは、まだ蒸し暑さが残る京都を訪れていたある日のことだった。私は国立京都国際会館で開かれていたフォーラムに参加していて、その中で、逆転写酵素の発見者の一人であるデビッド・ボルティモア博士と話をさせてもらう機会があった。

そのときに、彼に訊ねたこと。

「いまあなたが新たに研究キャリアを始めるならどんな研究分野を選びますか？」

我ながら、安直な問いだと思う。

彼は少し思慮した後、「やはり意識だろうね、なぜかと言えば、それは、最もエキサイティングなフィールドだと思うから。」

やっぱりみんな最後は意識に興味が行くよね——でもまあ、それは、そういうものなのだろうし、私もいつかそうなる気もしないわけではないけれど。内心の思いを巡らせつつ、続きの言葉を待つ。

「同じように、当時の私はウイルスがとてもエキサイティングなフィールドだと思ったから、それを選んだ。もちろん、いまでもとてもエキサイティングなフィールドだから、そういう意味では、再びウイルスを選ぶかもしれない。君はバイオインフォマティクスを専門としているのだろうか？それは時代にあっているし、研究対象も幅広いと思う。しかし、その中で、アプローチでも生物現象でも良いから、最もやるべきだと思うことをやるべきだ。それで、君は何が重要だと考えているのか？」

本稿では、編集委員に気軽に書くことを許していただいたこともあり、筆者がなぜゲノム微生物学を重要だと考えているかについて、過去から最近の研究まで触れつつ記せればと思う。私的な観点が多く含まれる内容になってしまうことをお許しいただきたい。

ゲノム情報と生命進化

現在の地球上に存在している多様で精巧な、あるいは奇跡的な生命、そしてそれらの生命が構成する生態系。それらは、一体どのようにして形作られたのか、形作られているのか、そして形作られ得たのか。

これらの問いに対しては多様なアプローチがあり得るし、実際に私自身も色々な立場から研究を行ってきた。とは言え、その根本にあるのは、時間スケールという面から見ても、また究極要因という面から見ても、生命進化である。莫大な配列情報は、生命進化をより統計的・数学的・客観的に扱うことを可能にした。今日、生命進化を辿る上では、配列情報、とりわけゲノム情報を効果的に用いることが欠かせない。しかし、本当に知りたいこと、つまり進化の結果現れる精巧なメカニズムやその背後にある法則性などに迫っていくためには、配列情報を普通に用いるだけではなく一工夫する必要がある。この“ギャップ”をどう超えて、何を明らかにしていくか、ということが、筆者にとっての研究上の一貫して重要な関心事である。

筆者がゲノム研究を始める以前、最初に取り組んだ研究テーマは「タンパク質翻訳のためにアスパラギンをtRNAに結合させるアスパラギニルtRNA合成酵素(AsnRS)は、どのようにしてアスパラギンとアスパラギン酸を見分けてtRNAと正しく結合させることができるのか？」というものだった。アスパラギンとアスパラギン酸は言うまでもなく良く似たアミノ酸であり、誤ってtRNAと結合させられてしまえば、正確なタンパク質翻訳が阻害させられる。筆者らの研究では、超好熱古細菌*Pyrococcus horikoshii*由来AsnRSのタンパク質X線結晶構造を1.45 Åの高分解能で決定することに成功し、その謎を明らかにした¹⁾。結論から記せ

ば、先の疑問に対する答えは「AsnRS自身のアミノ酸残基側鎖だけではアスパラギンを正確に認識することはできず、さらに、複数の水分子を“アタッチメント”として巧みに用いた水素結合ネットワークを形作ること、それを可能にしている」というものだった（図1）。ここで強調したいことは、この水分子を用いた美しい仕組みは、タンパク質をアミノ酸配列として見ているだけでは決して理解できないものだったということである。

こうした研究から研究活動を始めたことは、“ギャップ”をどう超えるかという筆者の関心に強く結びついている。ゲノム情報を的確に用いつつ、生命進化の法則やメカニズムにどのように迫って行くのか。これは、ゲノム情報が“オーバーフロー”する時代の進化学の中心的課題であるとともに、配列相同性検索に牽引されてきた（あるいは思い切って「依存してきた」と言ってもよいかもしれない）バイオインフォマティクス分野の様々なフロンティアの交点に位置する象徴的課題でもあるように思う。

“正道”としての微生物ゲノム解析

大型生物ゲノムの場合、配列を超えて解釈を広げていくことは微生物ゲノムに比べて格段に難しい。微生物

物は小分子代謝系の多様性も大きく、ゲノムを共通の道先案内として生理・生態・進化を直結して論じるとは比較的やりやすいが、大型生物についてはこのことは一般に簡単ではない。例えば、大型生物ゲノムにおいて、細胞間相互作用を含めたシグナル伝達系や発生プログラムに関わる遺伝子に変異が生じることがどのような意味を持つかは、推測を行うことすら難しいことがほとんどである（念のために付言すれば、これは、バイオインフォマティクスの力不足というよりも、いかに人類が生命活動をいまだに分子レベルで構成的に理解できていないかということだと思う）。もちろん、膨大なノンコーディング領域のほとんどについては、まだどのように手をつけていけばいいかも判然としない状況にあることは言うまでもない。

そして、ベイジアン的な書き方をすれば生命進化は本質的に確率的かつ一回性の現象であり、限られた現象からその背後にある一般法則に迫っていくことには根本的な難しさが伴う。特にゲノム進化を表現型進化と結びつけて解き明かしていく上では、近縁の系統群が持つ表現型が互いに必然的に似かよる「系統的制約」の影響を考慮し、これをうまく取り除かなければならない。このためには、現生生物のゲノムに残された進

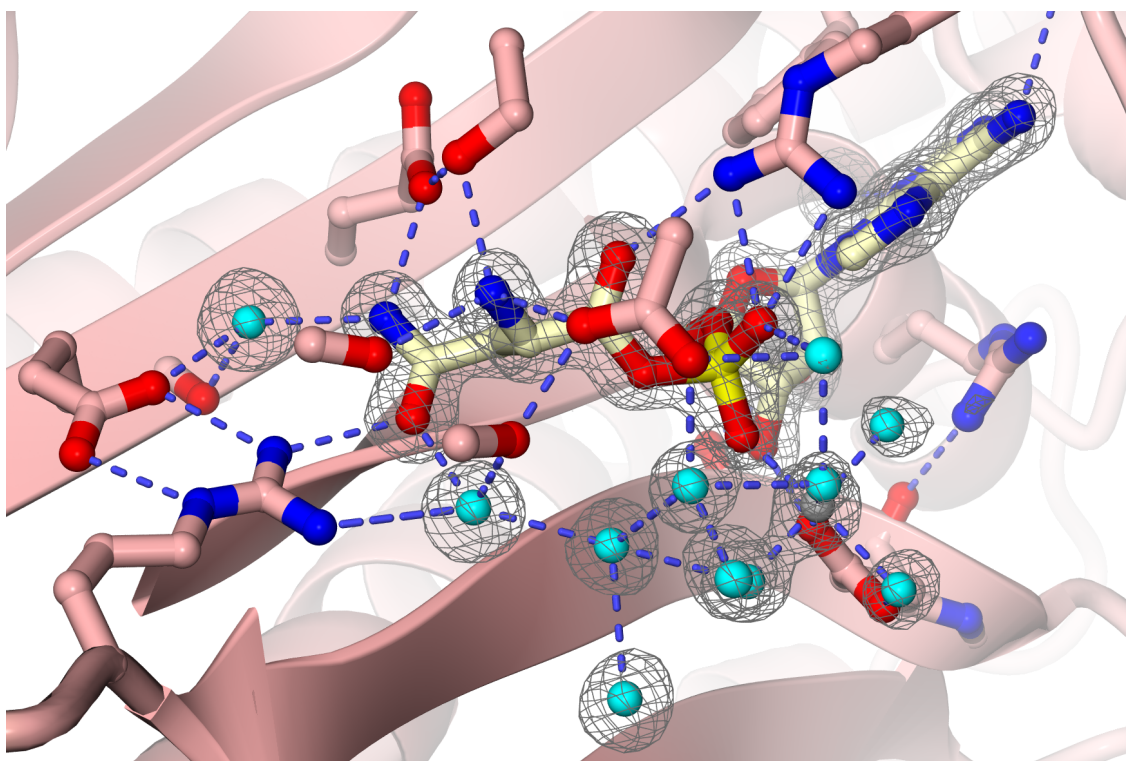


図1. AsnRSによるアスパラギン認識メカニズム

水分子を巧みに用いた水素結合ネットワークによって正確な認識が実現されている。

化のシグナルに対する系統的なノイズを小さくする効果的なアプローチが必要とされる。典型的なアプローチの一つは、可能な限り進化系統的に幅広い生物種のゲノムを統一的な手法によって比較解析することであり、もう一つのアプローチは、近縁種で表現型が独立に進化した複数の系統を解析対象とすることであるが、いずれのアプローチにおいても多数の生物種からゲノム情報を得ることが重要な鍵を握る。そして、ゲノム情報が利用可能な生物種の幅広さと密度において、微生物は大型生物とは比較にならないほど恵まれた状況にある。

筆者自身も、こうした微生物研究におけるアドバンテージを活かせるような戦略を意識しつつ研究を進めてきた。例えば前者のアプローチに関してはゲノムの進化過程を高精度・高速に再構築するアルゴリズムの開発²⁾、原核生物の代謝経路の進化に遺伝子水平伝播が寄与したことの解明³⁾、ゲノム大規模比較による根粒形成遺伝子の β プロテオバクテリア起源仮説の提唱⁴⁾などが挙げられるだろう。後者のアプローチについて最近では、真核生物のゲノム進化メカニズムに迫る上で、小さくシンプルだがダイナミックな進化イベントの近縁系統での比較解析が可能な理想的なモデルとして、非モデル酵母ゲノムに注目して研究を進めている。例えば、異なる生物種のゲノムが混ざり合うハイブリッドゲノムは生命の設計図であるゲノムを大幅に変化させ、生命進化の可能性を大きく広げる潜在力を持つが、そうしたゲノムが新たな生物種のゲノムとして受け継がれていくまでに安定化する仕組みは良くわかっていない。これまでに、担子菌門 *Trichosporon* 属酵母の近縁種で2度独立にハイブリッドゲノムが生じたことを明らかにし、そのゲノム安定化に遺伝子の進化速度の低下や転写・翻訳に関わる遺伝子の欠失が関わっていることなどを明らかにしている^{5,6)}。

“ジェネラリスト”と“スペシャリスト”の進化

最後に、これらの問題意識を束ねる形で最近結実した研究の一つから、数理モデルとデータベースを用いたメタ微生物進化解析研究⁷⁾の結果を紹介したい。

生態学では、様々な環境に対応できる“ジェネラリスト”戦略をとる生物と特定の環境に特化した“ス

ペシャリスト”戦略をとる生物のそれぞれが果たす役割に関する議論が続いてきた。しかしながら、例えばどちらが高い種分化率を持つかという基本的な疑問についても、対象とする生物群によって異なった結論が導かれるなど、「どちらの戦略が有利なのか?」「なぜ2つの戦略をとる生物が共存するのか?」といった根本的な疑問に対する俯瞰的・実証的な解析はされていない状況にあった。

バース＝ベッキングの著名な言葉“Everything is everywhere, but the environment selects”にも表されるように、微生物もまた、大型生物のように目には見えないがその代わり膨大な個体数が存在し、ダイナミックに環境の間で移動を——いわば“旅”を——している^{8, 9)}。そして重要なことに、最近の微生物群集シーケンス手法の進展により、微生物については、多様な環境について統一的な手法によって生物相（生物叢）の情報が得られつつある。こうしたデータセットは大型生物については得られないものであり、まさに微生物をターゲットとすることのアドバンテージを活かして、大きな疑問に迫ることができる状況が整いつつある。

本研究ではまず、世界中の研究者によって取得された61種類の環境の微生物群集シーケンスデータを収集し、整理したデータベース（MetaMetaDB¹⁰⁾）を構築した（図2）。このデータベースから16Sリボソ

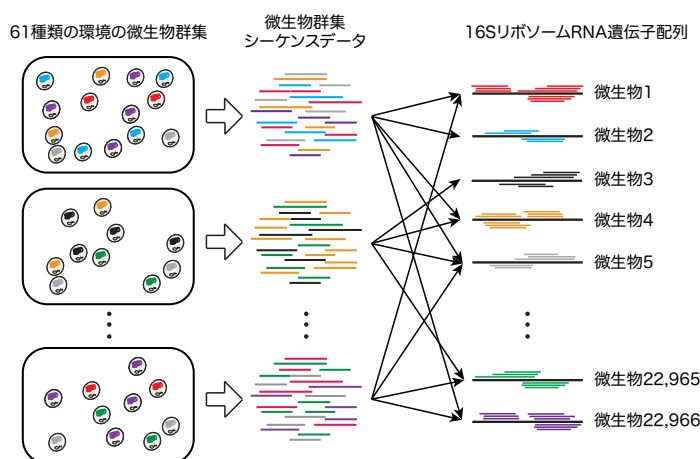


図2. 環境と16SリボソームRNA遺伝子配列とのひも付け

MetaMetaDBに格納された様々な環境の微生物群集シーケンスデータを用いて、微生物と環境を俯瞰的に結びつけた。

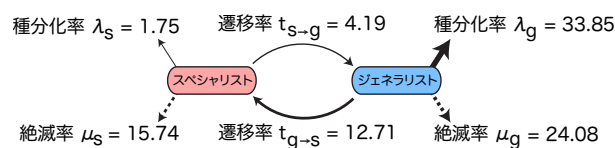


図3. 2状態種分化絶滅モデル (BiSSEモデル) によって推定されたスペシャリストとジェネラリストの進化パラメータ

BiSSEモデルは2つの状態と、それら2つの状態について定義される種分化率・絶滅率・状態遷移率によって定義される。

μRNA遺伝子配列を収集し、それぞれの環境にどの微生物が存在するかを網羅した、いわば“カタログ”を作成した。続いて、61種類の環境を11種類の環境に大別し、そのうち1種類にしか現れない微生物をスペシャリスト、5種類以上に現れる微生物をジェネラリストと定義することで、微生物をスペシャリストとジェネラリストに網羅的に分類した。その結果、スペシャリストとジェネラリストの数は微生物がランダムに各環境に存在していると仮定した場合に比べていずれも多く、実際に多くの

微生物がこれらの2つの戦略を取っていることを確認した。その中でも、例えば、プロテオバクテリア門とバクテロイデス門に属する微生物には特にジェネラリスト戦略とスペシャリスト戦略をとる微生物が多かった。こうした結果は、各微生物グループが鞭毛システムの有無などそもそもどうして違った特徴を持つのかといった、微生物学における根本的で

素朴な謎に答える鍵となるものでもありと考えている。

続いて、2状態種分化絶滅モデル (BiSSEモデル) と呼ばれる数理モデルとゲノム系統樹を用いた進化解析を行い、進化の過程でジェネラリストとスペシャリストはどちらが有利であり、また、ジェネラリストとスペシャリストのバランスがどのようにして保たれているのかを数理的に推定した (図3)。その結果、ジェネラリストは絶滅率に対して高い種分化率を持つこと、一方で、スペシャリストは種分化率に対してかなり高い絶滅率を持つことがわかった。このことは、ジェネラリストの方が生物進化の過程で子孫を繁栄させる上で有利であることを意味している。では、なぜ環境中の微生物はジェネラリストばかりにならないのか? 筆者らの推定結果からは、ジェネラリストが進化の過程でスペシャリストに変わる速さの方が、スペシャリストがジェネラリストに変わる速さよりも大きいことが明らかになっており、このことは、ジェネラリストは有利ではあるけれども「ジェネラリストであり続ける」ことが難しいことを意味している。それぞれの環境に

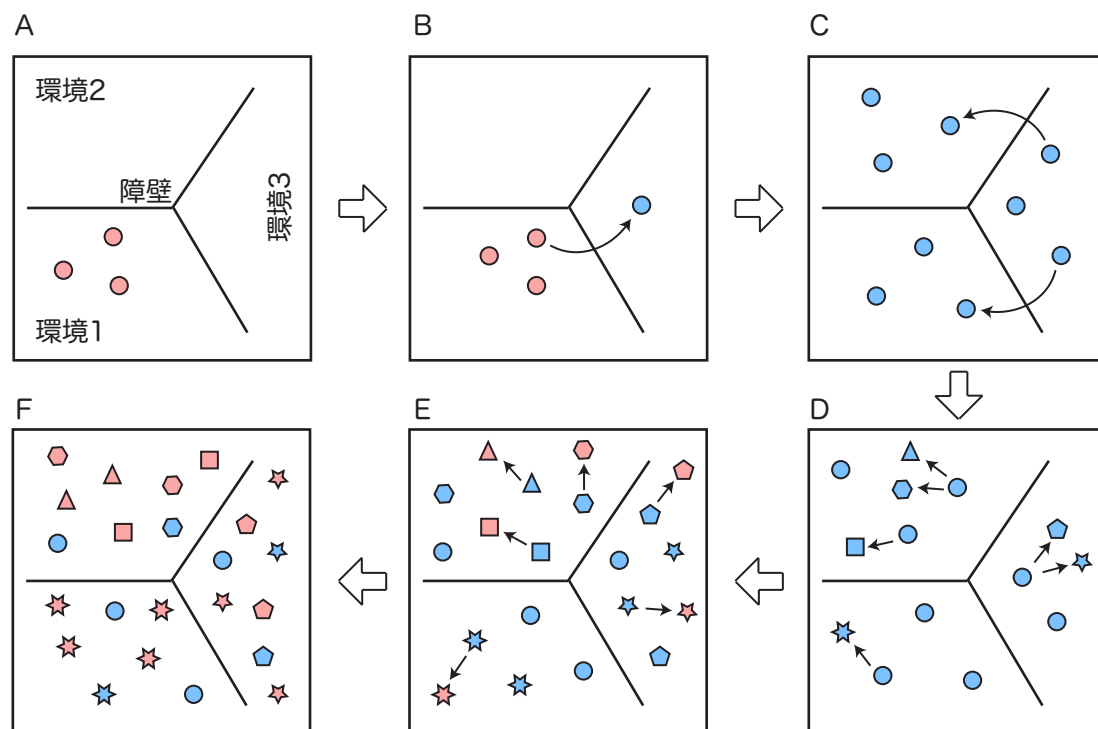


図4. ジェネラリスト駆動型進化モデル

このサイクルにより、スペシャリスト (ピンク色) とジェネラリスト (水色) との共存のバランスが保たれると考えられる。

おける厳しい生存競争に勝つために、ジェネラリストはスペシャリストにならざるを得ないのかもしれない

以上の結果から、筆者らは、ジェネラリストとスペシャリストの共存のバランスは「ジェネラリストによって駆動される進化」によって保たれると考え、そのモデルを提唱している（図4）。まず、ある環境に特化したスペシャリストがいる状況を考える（A）。進化の過程でスペシャリストがジェネラリストへと変わる（B）と、そのジェネラリストは他の環境へと移動することができる（C）。本研究の結果から、ジェネラリストは速く種分化する（D）ほか、スペシャリストに変わりやすいという特徴を持つことがわかっている（E）。その結果、スペシャリストとジェネラリストが共存する微生物生態系が保たれるのだと考えられる（F）。繰り返しになるが、このモデルは微生物に特有の性質を何ら前提としたものではないことから、微生物生態系に限らず、一般の生態系の成り立ちについても示唆を与えると考えている。

おわりに

本稿では、筆者がなぜゲノム微生物学を重要だと考えているかについて、過去から最近の研究に触れつつ記させていただいた。あえてその中では言及しなかったが、そもそも生命進化以前に、大前提として「微生物ゲノムすら十分に理解できていないのにどうして大型生物ゲノムが理解可能なのか」という根本の問題意識についても、ここで簡単に触れておきたい。このことは微生物ゲノム研究者自身にとってはごく当たり前のことであっても、生物学全体の中で微生物研究の存在感が薄くなりつつあるとも言われている中で、コミュニティとして力強くアピールしていくべきことでもあるように思う。

最後に、今後筆者自身が行いたいと思っているゲノム微生物学研究の方向性について少し述べて、筆を擱きたい。前節で紹介した研究の延長としては、当然、ジェネラリストやスペシャリストに特有の遺伝子はあるか、ということは興味が持たれることである。また、メタゲノムデータとゲノムデータの組み合わせにもまだ様々な可能性がある¹¹⁾。特にメタゲノミクスの特徴は培養困難微生物の解析を行えることであるが、これは、微生物の培養可能性そのものを対象とした研究へと展開させていくことができることを意味している（そ

こではシステム生物学的なアプローチも必要になるだろう）。また、表現型（表現性状）に関する情報がかなり統一的に整備されていることは、バイオインフォマティクスの立場からは、微生物研究が持つ別の大きなアドバンテージに映る。ゲノム解析を表現型解析とさらに組み合わせていく上で、（著作権等の問題もあると思われるが）現在は書籍や報告論文にまとめられているこうした情報をデータベース化していくことも行えないかと考えている。そして、現在データベースに登録されている膨大な微生物ゲノムの多くは必ずしも典型的なパイプラインに通す以上の解析が行われておらず、改めてつぶさに解析を行うと、奇妙な配列を持つ微生物ゲノムが見つかってくる例も少なくない。そうした特異なゲノムたちはそれ自体興味をかき立てる存在であるが、仮に特殊なケースであったとしても、そこから一般的な分子メカニズムにつながる発見があることを大いに期待させる“原石”たちにも思える。

ゲノム微生物学がエキサイティングなフィールドで無ければ、何がエキサイティングなのだろうか？

文献

1. Iwasaki W, Sekine S, Kuroishi C, Kuramitsu S, Shirouzu M, Yokoyama S. *J Mol Biol* 360: 329–342 (2006)
2. Iwasaki W, Takagi T. *Bioinformatics* 23: i230–i239 (2007)
3. Iwasaki W, Takagi T. *PLOS Genet* 5: e1000402 (2009)
4. Aoki S, Ito M, Iwasaki W. *Mol Biol Evol* 30: 2494–2508 (2013)
5. Sriswasdi S, Takashima M, Manabe R, Ohkuma M, Sugita T, Iwasaki W. *Genome Res* 26: 1081–1090 (2016)
6. Takashima M, Sriswasdi S, Manabe R, Ohkuma M, Sugita T, Iwasaki W. *Yeast* in press (2017)
7. Sriswasdi S, Yang CC, Iwasaki W. *Nat Commun* 8: 1162 (2017)
8. Hiraoka S, Machiyama A, Ijichi M, Inoue K, Oshima K, Hattori M, Yoshizawa S, Kogure K, Iwasaki W. *BMC Genomics* 17: 53 (2016)
9. Hiraoka S, Miyahara M, Fujii K, Machiyama A, Iwasaki W. *Front Microbiol* 8: 1506 (2017)
10. Yang CC, Iwasaki W. *PLOS ONE* 9: e87126 (2014)
11. Hiraoka S, Yang CC, Iwasaki W. *Microbes Environ* 31: 204–212 (2016)

ゲノム微生物学会若手の会報告

広瀬 侑

豊橋技術科学大学 環境・生命工学系 助教

日本ゲノム微生物学会若手の会第11回研究会は、2017年9月12日～13日の一泊二日の日程で開催されました。本年度は、私が世話人代表を努め、門屋亨介さん（東京農業大学）、高田啓さん（立教大学）、鈴木治夫さん（慶応大学）と、今年度より加わってくださった河野暢明さん（慶応大学）、大林龍胆さん（国立遺伝学研究所）、倉田竜明さん（立教大学）、梅谷実樹さん（東京大学）の合計8名の世話人で運営を行いました。今年は、ここ数年の開催地である東京都の八王子セミナーハウスから、静岡県伊豆山研修センターへと会場を移して開催しました。JR熱海駅を車で出発し、駅前の飲食店街やリゾートマンション街を抜け、狭い山道の坂道へと進み、この先に会場が本当にあるのだろうか・・・と不安がよぎったところに、5階建ての巨大なコンクリートの建物が現れ、これが伊豆山研修センターでした。この会場は、企業研修にも使用され、講演のための設備も整っており、スタッフの方もとても親切で、研究会を円滑に進行することができました。今年の若手の会の参加者の内訳は、学部及び修士学生が7名、博士課程の学生が3名、ポストドク・研究員・助教クラスの参加者が世話人と招待講演含めて15名、社会人1名、合計で26名でした（図1）。開催地が首都圏から離れたためか、例年より学生参加者が少なくなりましたが、研究の現場で手を動かす若手研究者が中心となりました。

招待講演として、岩崎信太郎さん（理化学研究所）と、神川龍馬さん（京都大学）、共に30代の新進気鋭の若手研究者に発表をしていただきました。岩崎さんは、植物由来の化合物であるロカグラミドAが、哺乳類ガン細胞で発現するメッセンジャーRNAの翻訳を特異的に阻害する機構を紹介してくださいました。次世代シーケンサーを用いたリボソームプロファイリングによりロカグラミドAの作用機序の核心に迫っていく経緯は、まるで探偵映画を見ているかのようで、最後の結晶構造解析で明確な結論にたどり着くとスッキリとした気持ちになりました。神川さんは、光合成

を行う珪藻の葉緑体が、環境中では暗所において光合成能を容易に喪失し、光合成以外の代謝機能は保持することをゲノムデータから明確に示してくださいました。クールに淡々と発表しつつも（あくまで個人的な印象です）、次々と繰り出される美しいイラストや精細な顕微鏡写真にも目を奪われました。環境中の生物の多様な生き様の面白さと、その解析におけるゲノムデータの有用性を改めて感じることができました。この他にも、参加者や世話人から8件の口頭発表が行われ、ここでも若手の会らしいフランクで活発な質疑応答が行われました。

昨年度に引き続き、各テーブル5-6名に別れて各自の研究内容を紹介する「ミニポスター」、各テーブルでトピックを決め、それについて議論する「ワールドカフェ」を行いました。これらの取り組みは、口頭発表とは異なる盛り上がりを見せ、初めて参加する参加者同士の交流を促すことができたと思います。今年度は新しい試みとして、USBタイプのナノポアシーケンサーMinIONを使用し、野外から採取されたシアノバクテリアのゲノムをシーケンスするデモンストレーションも行いました。今回は、アセンブルに必要な十分なリード数は残念ながら得られませんが、得られたリードをBLAST検索してどの生き物の配列にヒットするか調べたり、予め用意しておいたアセンブル結果を紹介しました。個人のパソコンで、簡単にゲノム解析が行える時代が到来したことを実感しました。宮本真理さん（オックスフォードナノポアテクノロジー社）に企業セミナーしていただき、MinIONのシーケンス原理や、シーケンス作業のコツを丁寧に教えていただき、ワールドカフェにも飛び入りで参加していただいていたと思います。

夕食は、屋外のバーベキュー形式で行いました。熱海駅近くのスーパーマーケットで地産のサザエも買い足し、磯焼きにしました。サーバーを手配し、美味しい生ビールもいただきました。研修センターのスタッフのご厚意で、深夜まで屋上の露天風呂に浸かることができ、リラックスすることができました。このような楽しみがあると、研究発表に集中した脳が解きほぐされ、疲れが癒されます。翌朝には、再び風呂に浸かって相模湾から登る朝日を眺めつつ、無事に若手の会を終えることができそうだと、一息つきました。今年は、若手の会の開催に必要なデータをファイル共有ソフト

であるDropBoxで共有し、世話人の打ち合わせには、河野さんの発案で、ビジネス向けのチャットソフトであるSlackを利用しました。このようなツールを使うことで、例年より世話人の負担が大きく軽減されたと思います。とは言いつつ、若手の会の直前になって、若手の会の以外でのトラブルが重なり、私は結局オーバーフローしてしまいました。今年度の若手の会を無事に開催することができたのは、他の世話人の皆さんが連携してフォローしてくれたおかげであり、大変感謝しています。

さて、私はゲノム微生物学会若手の会の運営に携わって4年目になりますが、若手の会の活動を継続・発展させていくためには、「お金」と「若手の会間の連携」が課題と感じています。まず、「お金」についてですが、本研究会の開催にあたり、ゲノム微生物学会本会から10万円の支援を頂いておりますが、これは2件の招待講演の交通費、謝金、宿泊費に充当しました。今年はMinIONを用いたワークショップを企画したため、約10万円の費用が追加で発生し（今回の参加者で均等割すると一人あたり約4千円に相当）、これには協賛金を充当しました。今年度は協賛金がなんとか集まりましたが、世話人の若手化が進んだため、年々、協賛金が集まりにくくなっています。お金をかけず質素に開催するという解決策もあるのですが、質の高い招待講演や技術セミナーを継続することは、参加者にとって一番のポイントだと思いますので、協賛金を集める努力は今後も継続していく必要があると思います。今年度に引き続き、世話人経験者の先生方に協賛金の依頼をお願いすることがあるかと思いますが、ご協力のほどどうぞよろしくお願いいたします。並行して、大学や公的機関などの研修施設・宿泊施設など、なるべくお金がかからない場所を探す努力も必要です。有力な情報ございましたら、世話人までご連絡いただけると助かります。

もう一つは「若手の会間の連携」についてです。本若手の会は、ゲノム微生物学会本会に参加しているメンバーが世話人をしているため、参加者の多くが本会年会と重複します。そのため、経験を積んだ若手研究者には若手の会への参加の意義が薄れてしまいます。研究室を主宰する先生方も、限られた予算の中では、研究室の学生の派遣は、若手の会よりも本会を優先させたいと考えます。このような状況で参加者が減り、他の若手の会の中には、一部の新人研究者の交流（＝飲み会）が主な目的になってしまうケースもみられま

す。また、近年のゲノム解析技術の進歩は生命科学の分野間の壁を取り払いつつあり、幅広い分野の知識を得るためには、複数の学会に参加する必要が出てきています。研究室の主宰者であれば、複数の学会に参加することができるかもしれませんが、若手が幅広い分野の発表を聞く機会は、大型のチーム型研究への参画を除くと限られるのが現状です。このような状況を含め、若手の会の今後の運営体制を世話人の間で議論したところ、情報生命系や微生物系を中心とする他の若手の会と研究会を共催してはどうかという意見が出て、それに賛同する声が多く聞かれました。私の個人的な考えになりますが、顔の見える範囲で交流して深い議論を行う本若手の会の活動は継続する一方で、他の若手の会と積極的に連携し、最新の技術や異分野の考え方を貪欲に取り込んでいく機会を持つのが、今後の若手の会（世話人＋参加者）には最善なのではないかと思います。少し時間はかかるかもしれませんが、これは、若手研究者の新しい発想や、より一般性・普遍性の高い研究テーマへの取り組みを促し、本会を支える大きな力になるのではないのでしょうか。

この議論は、生命情報科学若手の会の世話人を兼任している河野さんが中心となり、他の若手の会の世話人を巻き込んで現在も続いております。それぞれの若手の会の置かれた状況や本会との調整もあり、流動的な部分がありますが、失敗してもよいのが若手の良いところだと思いますので、皆様には率直なご意見をいただくとともに、チャレンジを温かく見守っていただけますと幸いです。



図1. 相模湾を背景とした参加者の集合写真

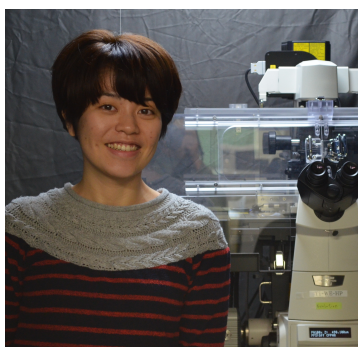
若手の会に参加して

日本ゲノム微生物学会若手の会 に参加して

梅谷実樹

東京大学 大学院総合文化研究科 特任研究員

早秋、私は静岡県熱海市の伊豆山研修センターにて開催された第11回日本ゲノム微生物学会若手の会 (2017年9月12日-13日) に参加しました。本稿では、保養地で日常から隔離され、ほぼ1日中、さまざまな研究について議論したことで、私が感じ、得たことの一端について述べさせていただきます。



私は遺伝的に均一な大腸菌集団に抗生物質ストレスを与えた際に観察される、不均一な細胞の振る舞いについて研究しています。これまでの生物学では、同一環境にある細胞の遺伝子型と表現型は一対一対応するという見方で、多くの集団レベルの解析が行われてきたところがあったと思います。私は同じ遺伝子型を持った細胞群に生じる表現型の違いが、細胞の運命を違えるほどに深刻に影響する現象をととても新鮮に感じ、興味を持って、日々の研究に励んでいます。現在まで、マイクロ流体デバイスを用いた一細胞レベルの顕微鏡観察により、現象の定量的な記述に取り組んできました。また同時に、クローナルな集団内に発生する不均一性の分子的背景を解明しようと取り組んでおり、さまざまな知見を吸収しようと、微生物のスペシャリストが集まる日本ゲノム微生物学会の年会には定期的に参加しています。このように、私にとってゲノム微生物学会は馴染み深い学会の1つです。今回、機会を得て若手の会に参加したところ、小規模である特徴を活かした非常に充実した内容であり、微生物を扱う研究者が集う会でありながら、年会とはまた異なる魅力を持っていると感じました。

まず、比較的小規模で運営されている若手の会は、参加者全員がコミットし、実りある議論が実現できるポテンシャルを持っていると考えます。開会に際して、世話人の一人である河野暢明さん (慶應大・先端生命研) から「若手という表現は初心者や入門といった意図で使われることが多いですが、本来は新進気鋭な先導者になり得る存在を示す言葉ではないでしょうか」といった内容のお話がありました。研究会などで自分の知識や経験の不足を痛感しているときに、気後れしてしまい、消極的な姿勢になってしまったことは、誰しも、一度や二度、経験があるのではないのでしょうか。そのような心苦しい経験が過去に何度かあり、その都度、悔しい思いをしてきた私には、河野さんの言葉は叱咤激励のようで強く印象に残りました。若手の会は、参加者が互いの顔を覚えることができるくらいの程よい規模です。それにより、各々が主体的に参加し、意見を交流させる時間的な余裕と、受け入れるキャパシティを保つことができていると感じます。

また、多くの発表において、研究の本流だけでなく、その背景で生じた研究者の奮闘や関心の変遷など、研究者自身についても語られていた点は、非常に興味深く、若手の会特有の魅力の1つではないのでしょうか。私はというと、そのような余裕もなく、研究紹介一辺倒の発表となってしまうので、皆さんの発表はとても参考になりました。さまざまな発表を聞く中で、改めて自分の関心や研究の変遷について考えてみると、今の自分の中心にある関心事項について異なる文脈からではありますが、深く考察した場面は何度もあることを思い出しました。そして、そのときに考え、寝かせていたアイデアが、今の研究の良いヒントになると気づき、自分の考えを再構築できたように思います。日常では、どうしても具体的な事柄について考えていることが多くなってしまいます。若手の会に参加し、非日常の中で、研究者同士語り合ったことが、良い息抜きとなりました。最後になりましたが、このような有意義な若手の会を企画、運営くださった世話人の皆さんに、心より感謝申し上げます。

武田知己

慶應義塾大学 環境情報学部 1年
先端生命科学研究会



私の所属する慶應大学の環境情報学部とは、古代ローマ発祥であるリベラルアーツを取り入れた横断的な学びを実現している日本でも数少ない学部です。必修科目に10以上の語学、数学、プログラミングが設置されている点が特徴的で、まさに現代社会のニーズをそのまま反映させているように思えます。また、環境情報学部では、1年生から研究室に所属することが可能で、4年間研究に没頭する人も多くいます。学部の本拠地である湘南藤沢キャンパス（神奈川県）に加え、鶴岡タウンキャンパス（山形県）にも研究室があり、生命系の学生は2つの拠点でバイオインフォマティクスとウェットの実験の双方の専門性を高めることができます。

私は、慶應義塾大学の先端生命科学研究会に所属しています。先端生命科学研究会は31名の教員と100名を超える学生が所属する巨大な組織です。研究会は様々な分野を扱う16のグループに別れ、宇宙や無機物を対象とするアストロバイオロジーグループからiPS細胞やES細胞を扱う再生医療グループまで、幅広いグループが存在しています。これらの多種多様な分野の中から、学生は自分の興味のあるグループを自由に選択できます。私の所属する微生物バイオインフォマティクスグループでは、NCBIをはじめとしたデータベースを用いて都市環境（公共交通機関、学校、駅など）における微生物群集を解析して微生物の動態を調査したり、主要な病原菌や薬剤耐性遺伝子を同定したりしています。若手の会の参加者の方々より「学部1年生にしてなぜ若手の会に参加しているのか」という質問をたびたび受けましたが、背景にはこうした経緯がありました。

ゲノム微生物学会若手の会のプログラムは1日目が主に口頭発表セッション、2日目が口頭発表セッションとワールドカフェで構成されており、充実した内容に仕上がっていました。加えて、お酒を片手に議論したり、バーベキューで盛り上がりたりと、若手の会ならではの光景が多く見受けられました。こうした雰囲気新たな発想を生む触媒になっていたように感じます。私にとって、若手の会の参加は今回が初めてで、自信を持って発表できるような研究内容も皆無であったため、最初は圧倒的な疎外感を感じていました。しかし、最年少で参加した私に興味を持ってくださったためか、参加者の方々が何人も声をかけてくださり、感じていた疎外感が嘘だったように薄れていきました。ショートトークでは、私が高校時代に行った微生物バイオフィルムの薬剤耐性に関する研究を発表し、特別な実験環境が無い家庭や高校の実験室でも微生物を扱った研究ができることを、参加者の皆さんにお伝えしました。私としては、発表を通して研究者としては未熟であることを認識する良い機会になりましたが、参加者の中には高校生でも実験ができることに驚く方もいらっしゃいました。懇親会の際には、バイオフィルムに関する研究について、微生物群集の構造解析であれば単離培養でなく、16S rRNA遺伝子のクローニングや次世代シーケンサーによるシーケンスが一般的であることも教えていただきました。

現在、都市環境メタゲノム調査プロジェクト「GoSWAB」が、慶應大学と東京大学の学生団体で行われており、私はこのプロジェクトで、公共施設のサンプリングを担当しています。この取り組みについてお話しすると、都市環境だけでなく南極・降水・大気のサンプリングといった新たな議論へと発展し、たくさんのユニークなアイデアを皆さんから頂くことができました。このような議論は、今後のプロジェクトの発展につながると感じました。考えるよりもまず行動することを重んじていた私ですが、多くの方と議論を重ねることで解決・改善できることが多々あることに気づきました。自らの研究テーマが右往左往する今日この頃に、若手の会に参加できたことを幸運に思っております。若手の会は知識も経験も浅い学部生こそ参加すべき会であると思いますので、学部生の皆さんもぜひ来年の若手の会への参加してみたいかがでしょうか。

実験技術紹介コーナー

お手持ちのちょっとした実験技術をお寄せください。自分で考えたものでも、受け売りでもOKです。今号では「**実験室での消耗品切れを防ぐ方法**」を編集委員より紹介します。

実験しようと思った時に必要な試薬など消耗品が切れており、新たに注文した消耗品が届くまでの数日待たなくてはならない、という経験は誰にでもあると思います。ここではこのような事態が起きにくくなるような、研究室での消耗品管理方法について紹介します。

- (1) 同じ消耗品が複数ある場合、番号をつける。この時、補充時に全部で何本あったかがわかるようにする。例えば3箱ある場合は、3つの箱に「1/3」、「2/3」、「3/3」と書く。使う順番は、分子の数字が大きいのからということにする。
- (2) **チェックボックス(四角)をサインペンなどで消耗品に書く。**
- (3) 必要に応じて、チェックボックス脇に注文のタイミングを記入する。例えば「残り10個になったら注文」「開封したら注文」など。
- (4) 注文したらチェックボックスにチェックを入れるようにする。
- (5) 継続的な購入が必要な消耗品については、上記の通り購入時に注文ボックスを書く。継続的な購入を止める場合は、「注文しないで」「注文時に声をかけて-<管理者名>」などと書く。
- (6) 研究室メンバーに、消耗品使用時に、チェックボックスの状態(チェックボックスが適切に描かれているかを含めて)に気を配るように注意喚起する。

消耗品がなくなっているのに補充されていない理由のほとんどは、(1) (すでにほとんどなかったのにor開封済みだったので)誰かが注文しているものと思っていた、(2) なくなった時に購入すべきかわからなかった、の2つです。上記チェックボックス法では、そのどちらも回避できます。お試しください。なお容器が小さい場合や冷凍品にはこの方法が向きません。チェックボックスや文字が書きにくいからです。メーカー側でなんとかしてくれると良いんですけどね(シールを剥がすと、「注文済み」の文字が見えるようになるとか)。

(大坪)。

閑話休題

— その4 — 秋に咲く花々

以下の花々は去年と今年の秋に撮影したものです。当然のことですが、花をマクロレンズで近接撮影すると、肉眼で見るとはまた違った雰囲気を醸し出します。皆様もどうぞ身近な花々にも目を向けて秋の自然を楽しんで下さい。(磯野克己)



キツネノマゴ (キツネノマゴ科) : *Justicia procumbens* L. 2016.9.16 袖ヶ浦市



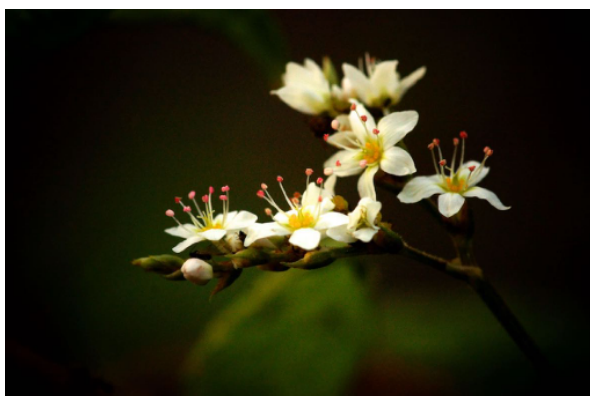
ツユクサ (白花変種; ツユクサ科) : *Commelina communis* L., 2016.9.18 袖ヶ浦市



ヤブガラシ (ブドウ科) : *Cayratia japonica* (Thumb.) Gagnep. 2016.9.20 袖ヶ浦市



ツリフネソウ (ツリフネソウ科) : *Impatiens textorii* Miq. 2016.9.16 君津市



シャクチリソバ (タデ科) : *Fagopyrum dibotrys* (D. Don) H.Hara 2016.10.30 神戸市



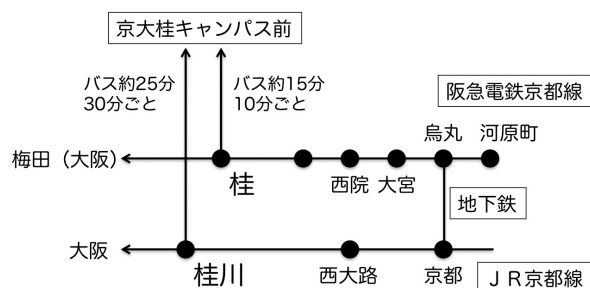
テンニンソウ (シソ科) : *Leucosceptrum japonicum* (Miq.) Kitam. et Murata 2017.9.4 伊吹山

第12回日本ゲノム微生物学会年会

第12回ゲノム微生物学会のお知らせ

第12回日本ゲノム微生物学会年会を2018年3月5日（月）～7日（水）の3日間、京都大学桂キャンパス内の船井哲良記念講堂（京都市西京区）にて開催します。桂キャンパスは2003年に開学し、主に工学研究科の研究・教育拠点となっています。桂キャンパスには、京都市の中心部（四条河原町）より阪急電鉄とバスを乗り継いで頂くと約30-40分で到着します。四条通の河原町～烏丸周辺にホテルは多数ございますが、春の京都は大変賑わいます。大会参加をご予定の皆様方にはお早めの宿泊先の確保をお勧め致します。

大会スタイルは、例年通りの年会形式を基本とし、アーキアおよびウイルスに関するシンポジウムを企画しております。詳細が決まり次第、情報をホームページに掲載します。本会会員のみならず、非会員の方々も是非お問い合わせの上、学会と年会の盛上げに御協力頂ければ、誠に幸いです（跡見晴幸）。



学会の現況

学会役員（敬称略）

会長：林哲也

庶務・会計幹事：黒川颯、仁木宏典 集会幹事：板谷光泰、大島拓 広報幹事：中村保一、佐々木裕子

ニュースレター幹事：佐藤勉、相馬亜希子、大坪嘉行、中村保一 男女共同参画幹事：板谷光泰、佐々木裕子

評議員（会長推薦を含む）：饗場浩文、朝井計、飯田哲也、池内昌彦、大西康夫、小椋義俊、加藤潤一、久原哲、小林一三、田中寛、津田雅孝、南澤究、吉川博文（評議会議長）、吉田健一、和地正明、内藤真理子、應蓓文、桑原知己、石川周

会計監査：有田正規、野尻秀昭

会員の動向

会員数 516 名（平成29年11月現在）

一般会員 366名；学生会員 123名；名誉会員 3名

賛助会員 14 団体；機関会員 1 機関