日本ゲノム微生物学会 ニュースレター

シアノバクテリアが分裂時に示すDNA凝集構造を低温超高圧電顕トモグラフィーで解析

村田和義（生理学研究所）、金子康子（埼玉大学）

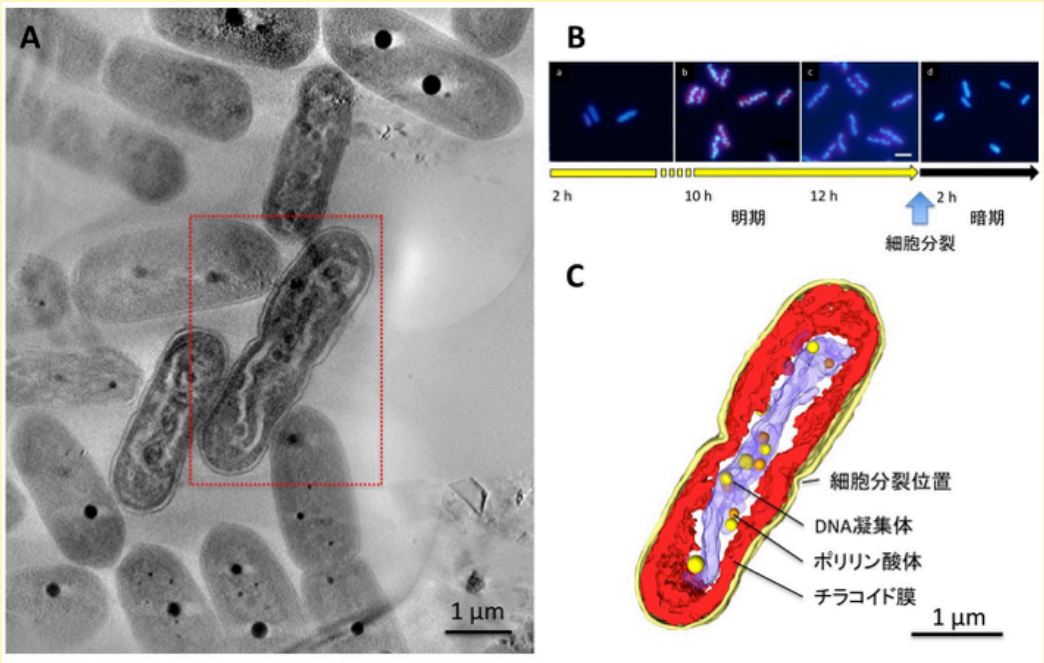


図　A）シアノバクテリア分裂直前試料の低温超高圧電顕トモグラフィ像　B）蛍光顕微鏡像。HOECHST 33342でDNAを染色　C）分裂直前シアノバクテリア（Aのボックス）の立体再構築像。

光合成細菌であるシアノバクテリア（*Synechococcus elongatus* PCC 7942）は、12時間ごとの明暗周期で培養すると、明期から暗期に変わる瞬間にいっせいに細胞分裂させることができる。我々は、この細胞分裂の際にシアノバクテリアのDNAが真核生物の染色体のように凝集し、中央で２分裂して娘細胞に分配されることを発見した（図B）。本研究では、この細胞分裂前に一時的に現れるDNAの凝集構造を、その瞬間に試料を急速凍結することで捉え、低温超高圧電顕トモグラフィー※1によりこれを解析した（図A）。

結果、分裂直前のシアノバクテリアのDNAは、細胞の中心に向かって凝集し、周辺のチラコイド膜との間に大きな隙間ができることがわかった。また、シアノバクテリアは細胞の中に大きなポリリン酸体と呼ばれる顆粒を２～３個含むが、このポリリン酸体も小さく分裂してDNAの凝集体に取り込まれることがわかった（図C）。そして、DNAの凝集体が、ポリリン酸体からのリン酸の供給を受けて形成されるとみられる様子が観察された。

本成果によって、シアノバクテリアが細胞分裂時に示すDNA凝集構造の実態を立体的に可視化することができた。そこでは、同様に分裂したポリリン酸体を取り込み、そこからのリン酸の供給を受けて凝集構造が形成されていくと考えられた。今後、さらに各ステージにおけるDNA凝集体の構造解析を進めることによって、原核生物における染色体様DNA凝集構造の形成消失過程を明らかにし、染色体の進化の過程に迫れると考える。

1. Murata K and Kaneko Y. Visualization of DNA Compaction in Cyanobacteria by High-voltage Cryo-electronTomography. J Visual Exper 137, e57197, 2018.
2. Murata K, Hagiwara S, Kimori Y, and Kaneko Y. Ultrastructure of compacted DNA in cyanobacteria by high-voltage cryo-electron tomography. Sci Rep 6, 34934, 2016.

※1低温超高圧電顕トモグラフィー：急速凍結により電顕グリッド上に氷包埋された試料を低温のまま超高圧電子顕微鏡（加速電圧1MV）にセットし、±60度の範囲で試料の連続傾斜像を撮影し、その画像をコンピュータ上で逆投影（CT）して、試料の立体構造を再構築する方法。文献１で実験ビデオを公開中（www.jove.com/video/57197）。

ゲノム微生物学分野の研究動向

サルファーゲノミクス™で人と地球を健康にする

大津厳生
筑波大学生命環境系生物機能科学専攻

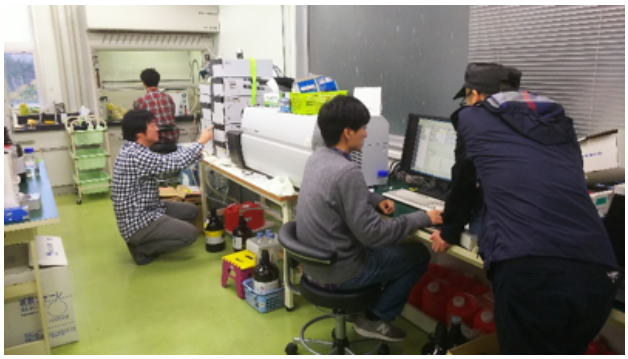
株式会社ユーグレナと国立大学法人筑波大学は、2018年7月1日より、共同研究として『セルフメディケーション推進特別研究事業』を開始しています（https://www.tsukuba.ac.jp/wp-content/uploads/108629euglena.pdf）。本事業の開始にあたり生命環境系 生命環境科学研究科 生物機能科学専攻 高谷直樹教授（微生物サステイナビリティ研究センター長兼務）がご尽力くださり、できた講座であることを最初に申し上げ、お礼を述べさせていただきます。ありがとうございます。当講座の責任者として7月1日付で辞令を頂きました大津厳生（おおついわお）です。人事の関係で4か月遅れの11月1日より河野祐介（かわのゆうすけ）が当講座の助教に着任してくれています。現在の研究室のメンバーは5人です。皆様、どうぞよろしくお願いいたします。

1．はじめに

2007年4月より硫黄代謝研究をはじめて今年で12年目を迎えました。硫黄（Sulfur: S）は全生物で必須な元素であり、微生物・植物は無機性硫黄化合物（硫酸、亜硫酸、チオ硫酸、硫化物イオンなど）から有機性硫黄化合物（システイン、メチオニン、エルゴチオネインなど）を合成できる[1, 2]。一方、ヒトを含む動物は無機性硫黄化合物から有機性硫黄化合物を合成することはできない。このように地球規模での硫黄循環は一方向に代謝されていると言える（図１）。このことは何を意味しているのだろうか？タンパク質合成の開始アミノ酸であるメチオニンを私たちは合成できない。従って、メチオニンは必須アミノ酸と呼ばれ、食事を

ラボの前で集合写真　左から大津厳生准教授、河野祐介助教、田中尚志研究員、城山真恵加研究員、新多智明（ユーグレナ先端技術研究部先端技術研究課）

11月1日が「寿司の日」ということを知っていましたか？当日まで私たちも知らなかったけれど、河野君が助教になれたのでお祝いで昼から寿司を食べに行った（残念ながら田中氏は風邪でダウン）。



ラボでの実験の様子（手前から大津、新多、河野、田中)

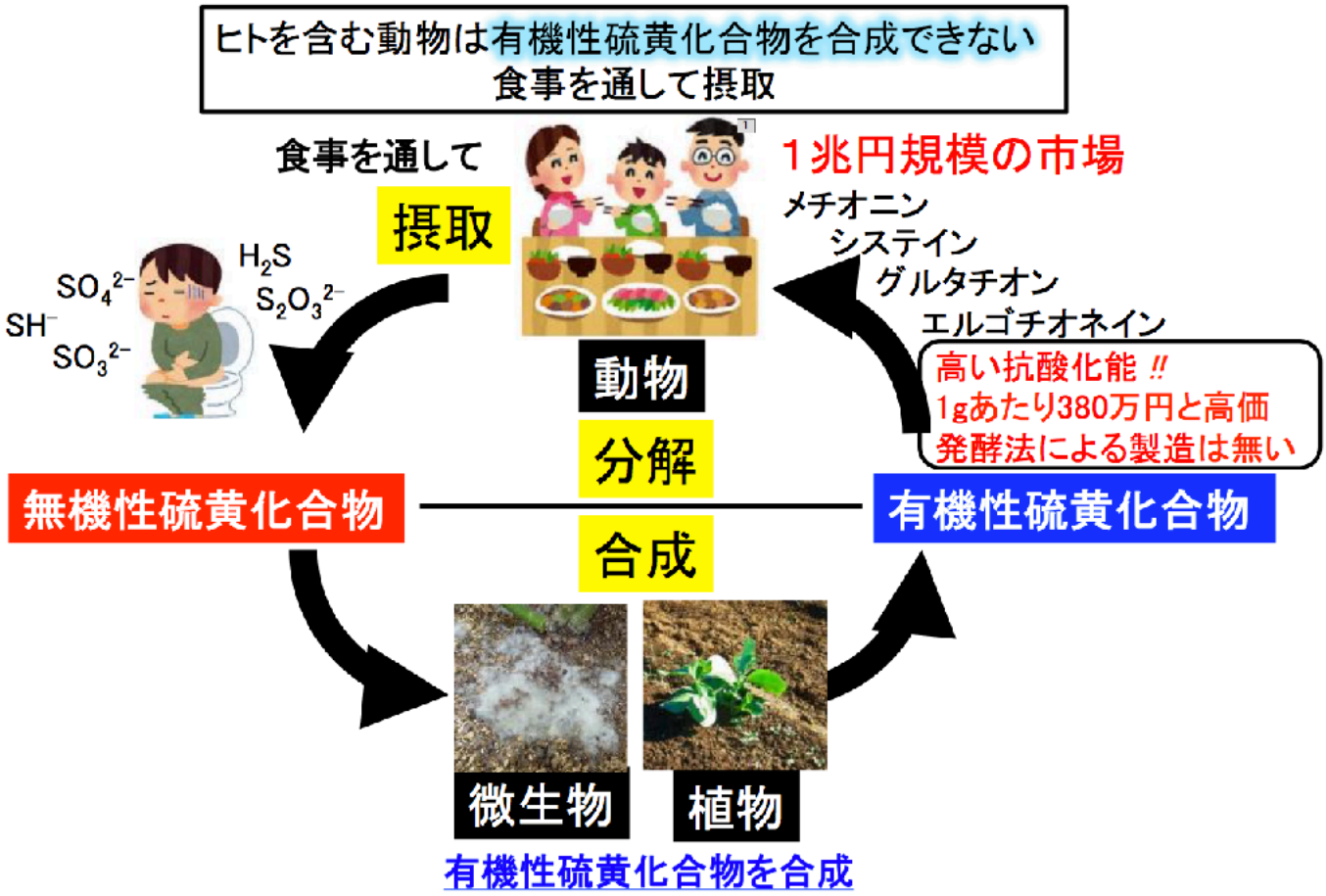


図１．地球規模での硫黄循環と世界の含硫アミノ酸市場

通して摂取しなければならない。私たち動物は、微生物・植物が産生する有機性硫黄化合物の恩恵を受けていることを日々、感謝しなければならない。ところが微生物の硫黄代謝研究は、これまで大腸菌や酵母といったモデル微生物でさえ十分になされていない状況である。１つの良い例は、大腸菌は硫酸イオンからシステ

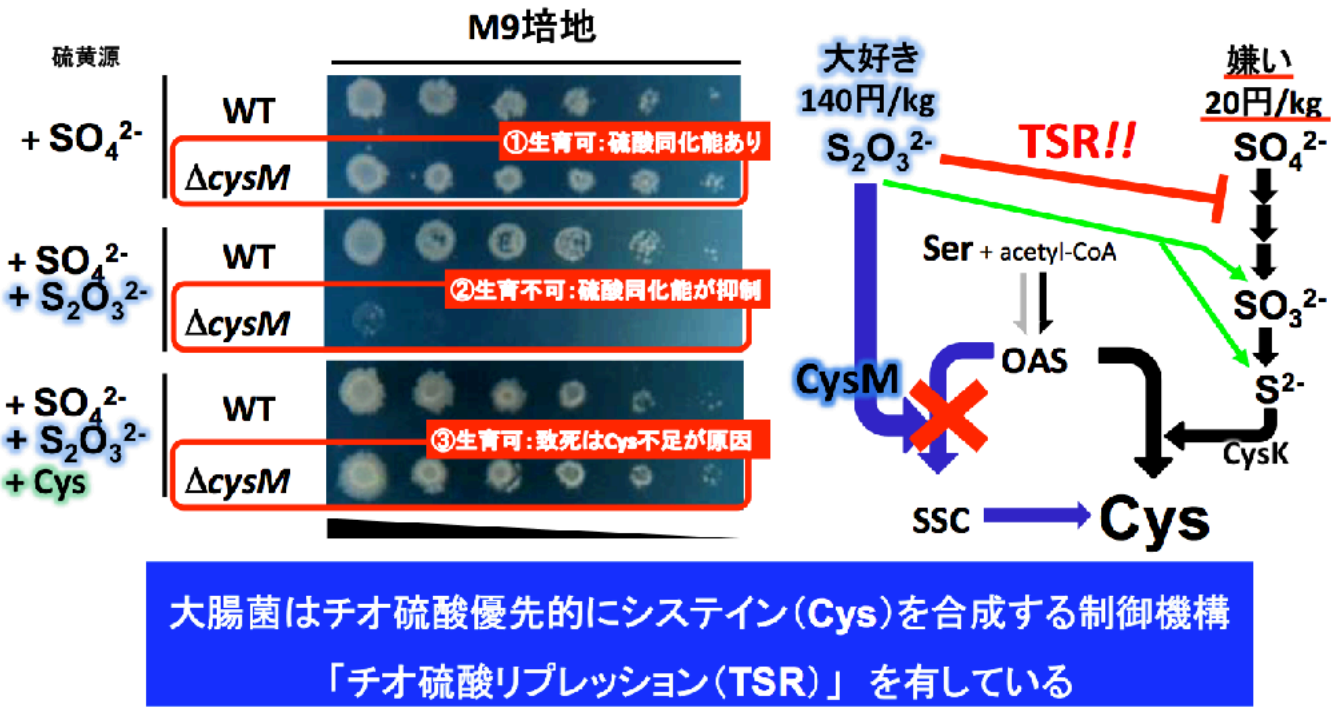


図２．大腸菌は硫酸塩よりチオ硫酸塩を好む

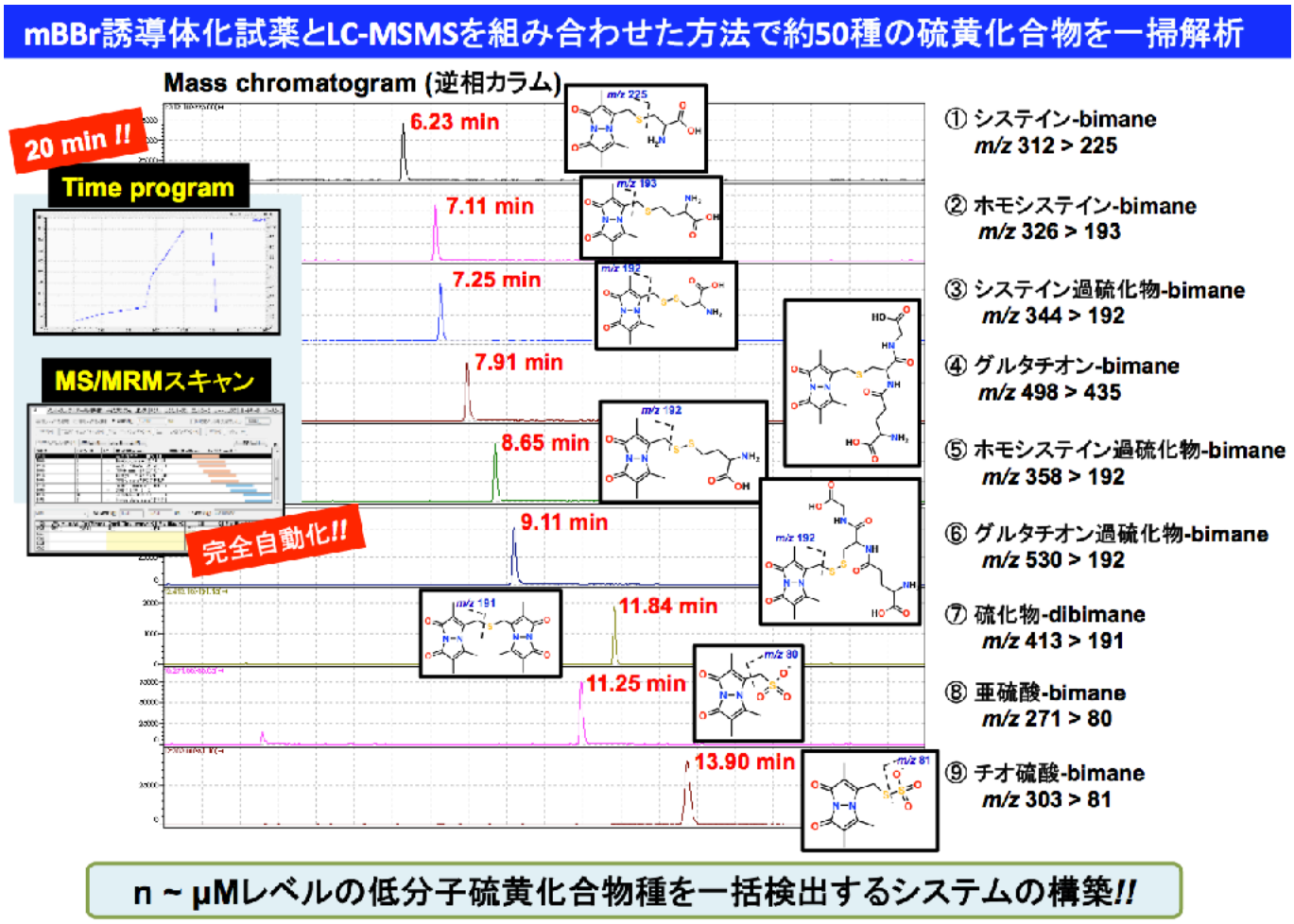


図３．サルファーインデックス®

インを合成することだけが教科書に記述されている（図２）。チオ硫酸イオンについては資化できることぐらいしか載っておらず、チオ硫酸イオンをシステインに変換する経路や酵素の特定といったところまで記載されていない場合がほとんどである[1)]。実際、多くのケースで実験室での微生物培養には、ほぼ全ての研究者が硫酸塩を使用している[3)]。

２.１　硫黄代謝研究の一つの壁：サルファーインデックス®の誕生

硫黄代謝研究が炭素や窒素代謝に比べて進んでこなかった背景のひとつとして、これまで細胞内含硫化合物を検出することが非常に困難であったことが挙げられる。われわれは、国立研究開発法人農業・食品産業技術総合研究機構の生物系特定産業技術研究支援センターからの支援の下、①「硫黄代謝の生理意義解明」などの基礎科学的研究と、②「システイン・エルゴチオネイン発酵生産技術の確立」などの応用工学的研究を並行して展開した（イノベーション創出強化研究推進事業、2012-2017年度）。その研究過程で、慶応大の末松誠教授らとの共同研究により、細胞内含硫化合物を容易に検出できる方法として「硫黄」関連代謝物種の網羅的定量解析法を構築した[4-6)]。本解析法は、サンプル中の検出標的である各硫黄化合物種のチオール基（-SH）をモノブロモビマン分子で特異的に化学修飾することで、高速液体クロマトグラフ質量分析法（LC-MS/MS）の利点を十分に活かし、しかも生体中を反映した状態での検出・定量を実現している。これらの有用な特性から、本法は先鋭的で独創的な方法と言える。われわれは、この解析から得られる硫黄化合物種含量プロファイルデータ（図３）を「サルファーインデックス®」と呼んでいる[7)]。

2.2　意外と気が付かない硫黄だから実現した特徴

一般成分に関するメタボローム解析は、民間企業や公的な研究機関において受託分析サービスが展開され、生化学が専門の研究者を中心に広く利用されるようになってきた。取得したデータの代表的な解析ツールとして多変量解析（多次元尺度法、主成分分析等）が用いられる。複数のサンプルを図４のように区別することが出来たとしても、なぜ区別できたのかの原因を特定することは困難な場合が多い。しかし、硫黄に着目することでサルファーインデックス®ではより直観的に理解できる解析結果が得られることが多く、今までになかった新しい代謝機能に注目した分析サービスを展開することが可能となった[8]。これまで約50種の含硫化合物の多次元尺度法解析により、サンプル群は視覚的なマッピングにより高精度にグループ化でき、多くのサンプルが、第1軸に「酸化還元度（鮮度）」に関与する因子、第2軸に「抗酸化能（微生物の働き）」に関与する化合物の含有量で、多くの場合特徴づけられることが分かった。これは「はじめに」で述べた硫黄としての活性分子種（Reactive Sulfur Species；RSS）の状態を見ることが、酸化マーカーの新たな指標として適用できる可能性を示している。ごく最近、硫黄のもう一つの特徴である「臭い」に関わる分子種（オフフレーバーなど）もサルファーインデックス®解析の検出対象に追加した[9]。これでサルファーインデックス®解析を行えば酸化ストレス・硫黄臭・含硫化合物量（微生物の働き）の新しい指標が広い分野で利用が可能になると期待される。

2.3　サルファーゲノミクス™への応用

次世代シークエンサーの性能向上に伴い、ヒトを対象とした微生物叢研究が大きく進展し、主に健康・医療技術に展開され、その全容解明と人為的制御技術の開発に向けた取り組みが活発に行われている。植物を対象とした共生微生物叢の研究も、根粒菌や菌根菌など、植物に有益な効果をもたらす代表的な菌類については基礎・応用研究、そして社会実装が進んできたが、菌叢の全容解明となるとまた別の話で、未だ基礎研究の域である。近年次世代シーケンサーで存在が明らかにされた9割以上の微生物は、分離・培養することが困難であり、さらに微生物叢の膨大な種の中から、どの微生物種が重要なのかを絞りこむ方法に課題がある。

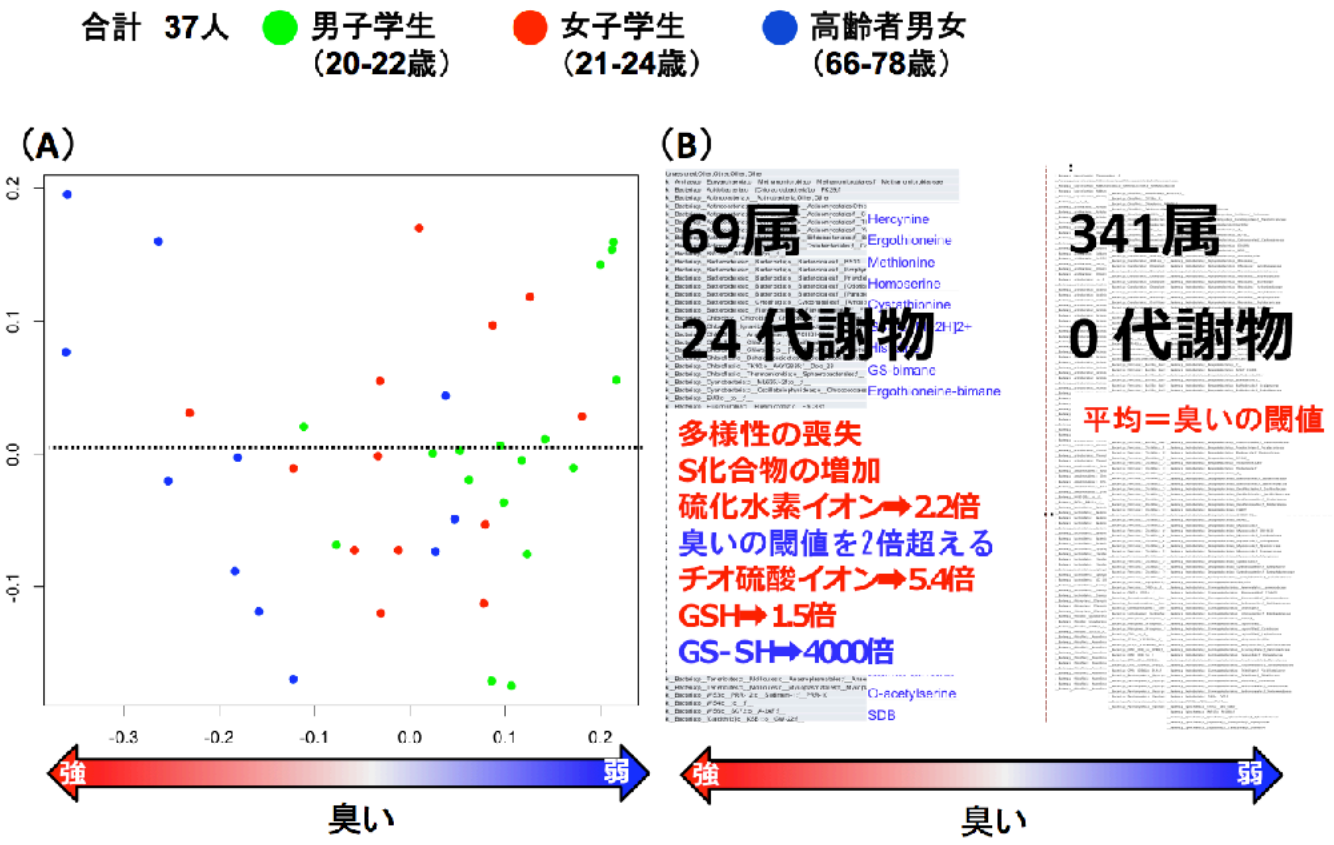


図４．歯垢のサルファーゲノミクス™

後者についての解決策として、皆さんにサルファーインデックス®を活用した成功事例を１つここで紹介したい。

口臭の強いと思われる高齢者の男女と、対照者として20代の男女の歯垢サンプルについて、次世代シークエンサー（Miseq；イルミナ）を用いた菌叢解析を行った結果、膨大な微生物叢データのみから明白な相関因子を見つけ出すことはできなかった[10]。しかし菌叢解析結果とサルファーインデックス®を組み合わせた「サルファーゲノミクス™」で絞り込みを行うと高齢者と対照者にある相関を見つけだすことができた（図4）。図4（A）のように左側に高齢者の男女（青）、真中に20代女子（赤）、右側に20代男子（緑）が集中している。この結果から口臭の原因につながる硫黄関連代謝物と年齢や性別によってグルーピングを行うことで、それぞれの特徴に言及できる。一例として、図4（B）には、図4（A）のように区別される因子として、各種検出した代謝物や微生物データをマッピングした内容を示す。驚くことに対照者に比べて高齢者では、サルファーインデックス®で検出された24種すべての含硫化合物の存在比が高かった。中でも口臭の直接の原因と考えられる硫化水素イオンの存在比は高齢者で高かった。硫化水素イオンの濃度は、今回調べた高齢者の平均で臭いを感じる閾値（0.0041 ppm）を2倍も超えていたのに対して、対照者は臭いの閾値程度であった。また、グルタチオン（GSH）の存在比は高齢者で1.5倍高い値を示したが、グルタチオンのポリスルフィド化分子種(GS-SH)は4000倍も高いことが明らかとなり、ポリスルフィドは酸化マーカーとして活用できる可能性があることを実証した。

また、歯垢のサルファーゲノミクス™結果は、20代の男女で341属検出された一方、高齢者で69属しか検出されず年齢と共に微生物の多様性が低下していることが判明した。さらに、属レベルで存在比を比較すると、高齢者側で硫酸還元菌（*Deltaproteobacteria*）や歯周病の原因菌（*Spirochaetes*, *Fusobacteria*など）の存在比が高かったことは興味深い[10]。以上のことから、口腔細菌叢を構成する細菌の種類と硫黄化合物の量についても相関があることが示唆された。

３．まとめと今後の展望

次世代シークエンサーの性能向上に伴いヒトを対象とした微生物叢研究は大きく進展し、主に健康・医療技術に展開され、その全容解明と人為的な制御技術の創成に向けた取り組みが活発に行われている。一方で、土壌微生物叢解析は、植物・動物の成長や土壌病害の発生等と密接に関係していることを示唆してきたが、多大なコスト、労力、時間が掛かるうえ、複雑なために多くの研究がなされていない領域であった。植物を対象とした共生微生物叢の研究についても、根粒菌や菌根菌など、植物に有益な効果をもたらす微生物の代表的な菌類については基礎・応用研究、そして社会実装が進んできたが、菌叢の全容解明となるとまた別の話で、未だ基礎研究レベルの域である。次世代シーケンサーを利用した菌叢解析を行うことで、環境中の微生物の種類を知ることが可能となったが、9割以上の微生物は、分離・培養することが困難であり、生物農薬やバイオ肥料に活用できていない状況である。しかし、環境保全や食糧問題の解決が地球規模で課題となる中、紹介した著者らの解析ツールが、膨大なデータからの「因果関係を伴う有益な関係因子」の絞り込み・微生物の同定に一部で応えられることを示した。土壌フローラ診断へ「サルファーゲノミクスTM」を活用した新たな挑戦を始めている。

参考文献（* Corresponding author）

1.T. Nakatani, I. Ohtsu*, G. Nonaka, N. Wiriyathanawudhiwong, S. Morigasaki, H. Takagi, *Microb. Cell Fact.*, 11, 62 (2012).
2.R. Osawa, T. Kamide, Y. Satoh, Y. Kawano, I. Ohtsu, T. Dairi, *J. Agric. Food Chem.*, 66, 1191 (2018).
3.河野祐介, 山田康嗣, 鈴木健吾, 大津厳生*, ケミカルエンジニヤリング, 63, 66-72 (2018).
4.大津厳生*, 河野祐介, 高橋砂予, 城山真恵加, 舟橋依里, 高木博史, 実験医学, 32, 108-114, (2014).
5.E. Funahashi, K. Saiki, K. Honda, Y. Sugiura, Y. Kawano, I. Ohtsu*, D. Watanabe, Y. Wakabayashi, T. Abe, T. Nakanishi, M. Suematsu, H. Takagi, *J. Biosci. Bioeng.*, 120, 666 (2015).
6.Y. Kawano, I. Ohtsu*, A. Tamakoshi, M. Shiroyama, A. Tsuruoka, K Saiki, K. Takumi, G. Nonaka, T. Nakanishi, T. Hishiki, M. Suematsu, H. Takagi, *J. Biosci. Bioeng.*, 119, 310 (2015).
7.株式会社ユーグレナ, サルファーインデックス（商標）, 第5965744号（登録番号）
8.株式会社ユーグレナHP「http://www.euglena.jp/sulfurindex/」
9.大津厳生, 大城聡, 特願2017-094037, 株式会社ユーグレナ
10.酒井晴菜，岡野凌一，徳本勇人，矢澤彩香，大津厳生，神谷重樹, 第91回日本細菌学会総会, 2018年3月（福岡）

ゲノム微生物学会若手の会報告

河野暢明
慶應義塾大学先端生命科学研究所　特任講師

開催概要

日本ゲノム微生物学会若手の会第12回研究会は「生命科学系フロンティアミーティング2018」として生命情報科学若手の会・光合成学会若手の会との合同年会として2018年10月4日-6日の日程で国立遺伝学研究所にて開催されました。本年度は大林龍胆さん（国立遺伝学研究所）を代表に、広瀬侑さん（豊橋技術科学大学）、門屋亨介さん（東京大学）、倉田竜明さん（立教大学）、梅谷実樹さん（東京大学）に私を加えた6名が日本ゲノム微生物学会若手の会側の世話人で運営を行いました。私自身は生命情報科学若手の会の代表を兼任していた関係で、全体の生命科学系フロンティアミーティング2018全体の代表も務めさせていただきました。参加者は定員の80名を募集締切前に越え、当日参加も合わせると107名もの方々にご参加頂き、過去最高規模となりました。会の内容としてはなるべく研究発表だけでなく、互いの顔を知り、議論出来る時間を多く設けました。まず参加者全員に一般口等発表かライトニングトークのどちらかをしてもらうことで、その場に居るだけの人をなくしました。ポスター発表はワールドポスターと我々が呼んでいるA3サイズの手持ちポスターを採用しました。それにより休憩や懇親会においても常にディスカッション出来る状況を設けました。また日本ゲノム微生物学会より補助を頂けましたので、招待講演者（神戸大学科学技術イノベーション研究科　西田敬二教授、東京大学先端科学技術研究センター 谷内江 望准教授、そして京都大学農学研究科農学専攻作物科学講座　田中　佑助教）をお呼びする事ができ、研究講演のみならず、様々なディスカッションやパネルディスカッションにもご参加頂きました。なお、当日の様子や参加者の感想などはこちらに掲載予定です（https://sites.google.com/view/bioinfowakate/生命科学系フロンティアミーティング-2018）。

若手の会とは

私はこれまで様々な形でいくつかの若手の会に参加してきた経験から、かねてより「若手の会」の存在意義に疑問を持っていました。多くの若手の会が掲げている主たる目的は、若手研究者達への門戸を開き、交流の場を提供することであると思われます。確かに若手の会での交流は普段過ごす大学や研究室だけでは得られない出会いがあります。似通った領域で活躍する同世代が一カ所に集まり、研究を進めていく上で立ちふさがる壁や、自身の進学や就職に関する悩みも共有

しやすく、公私ともに長く付き合っていけるような仲間ができる場として効果を発揮します。特に若手の会は良く合宿の形式を取るため、朝から晩まで濃密な時間を共有する事ができます。そして若手の会が提供する交流の場の発展的な形として考えられるもう一つの価値は、新規分野の開拓、フロンティア性にあると考えます。ある研究者が当該分野の若手研究者というフレームで説明された場合、多くの場合がその分野の担い手であり、将来を背負って経つ研究者という認識になります。このこと自体に大きな問題はありませんが、私としては果たしてその分野というのがどれほど普遍的に語られ得るものなのか、その分野で活躍し始めた若手研究者が同じ枠組みで生涯研究し続けることがどれほど一般的な事例となるだろうかという点に疑問を持たざるを得ませんでした。専門性が高まるにつれて学問分野が細分化されていく一方で、単一分野のみの力では太刀打ちできない複雑かつ広範な問題も多く出てきているのも事実であり、なにもそれは生命科学分野に限った話ではありません。つまり現行の学問分野だけでは解けない問題に直面した際の、フロンティアな異分野融合・発展の結果こそが今日の学術における根幹を支えており、我々はそうした巨人の肩に乗っているのであると考えられます。

そしてその実例を示している学会こそが日本ゲノム微生物学会なのではないかと思っております。日本ゲノム微生物学会は、ゲノム科学的アプローチで微生物の研究を行う研究者の集まりであり、この場合分野はゲノム科学・微生物学という枠組みになります。しかしながら当該分野で現在活躍されている多くの先生方の過去を考えたとき、果たしてゲノム微生物学分野の門を叩いた若手研究者がどれほどいたのでしょうか。微生物のモデル生物である大腸菌や枯草菌の全ゲノム配列ですら決定されたのが90年代であり、微生物ゲノムが当たり前の様に決定される様になったのがここ数十年の流れです。そうした時間の流れを考えると、ゲノム微生物学という枠組みで研究が始まったのはそんなに昔の物ではなく、多くの微生物学者がゲノムというリソースを有効利用出来る様になって来たからこそ、当時のフロンティアとしてゲノム微生物という分野を発展させて来たのではないでしょうか。

私がそうした考えに至った時、日本ゲノム微生物学会初代会長を務められた吉川寛先生が当時（2006年12月17日）会長候補として掲載された「会長候補の挨拶」を読む機会がありました。その中で吉川先生は「本学会は2002年から毎年一回“かずさ”において開催されているワークショップ「微生物ゲノム研究のフロンティア」の発展として提案されました。（中略）将来、ゲノムが古語となった時、本学会がGeneral Microbiology即ち日本微生物学会として存続できるように今から心がけたいと思います。」[1]と、まさに今私が感じていた違和感を払拭する内容が述べられておりました。

これまでと今後

私達はそうした考えのもと、有志で集まり、参加人数を限定してその分討論時間を多く設けた分野交流の現場を様々な形で試行錯誤しながら開催してきました

・Interdisciplinary Biology WS 0.0（2015年12月@沖縄科学技術大学院大学：5名）

・Interdisciplinary Biology WS 0.5（2016年12月@国立遺伝学研究所：7名）

・生命科学系フロンティアセミナー（2017年8月@立教大学：20名）

・生命科学系フロンティアミーティング2018（2018年10月@国立遺伝学研究所：107名）

特に昨年と今年は生命情報科学若手の会・光合成若手の会・細胞生物学若手の会との合同で実施しており、また非常に多くの企業・団体からご賛同いただいて開催することができました。参加者の年齢層は20~30代前半で、学部生から教員まで様々な立場の研究者が一同に会し、それぞれ互いの分野では素人同然ではありますが、サイエンスの根本的な考え方は共通しているため議論は問題なく行われ、それどころか他分野だからこそ、新しい魅力や視点に気づける場を提供出来ました。

こうした会の動向がはたして若手の会の正解かどうかはわかりません。しかし、フロンティアというキーワードを中心に組む事で、実はこれまで制限されてきた技術や対象生物・現象から解き放たれ、本当の意味での若手研究者達が融合できる場を提供できたのではないかと実感しています。

注釈1 https://www.sgmj.org/index.php?page=about_greet1

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

飯井　虹之介
慶應義塾大学　先端生命科学研究所　修士課程1年

野も山もすっかり秋景色深まる10月5日から7日の３日間、私は静岡県三島市の国立遺伝学研究所にて開催された生命科学系フロンティアミーティング2018に参加させて頂きました。本稿では、通常の学会とは大きく趣の異なる本学会に参加し、様々なバックグラウンドを持つ参加者の皆様と活発に議論を交わしたことにより、私が感じ、得たことについて拙筆ではありますが述べさせていただきたいと思います。

私は、砂漠などに生息するバクテリアの持つ紫外線耐性のメカニズムの解明を目指し、網羅的な解析を行っております。これまでの極限環境微生物の研究では、*Deinococcus radiodurans* などの稀有な耐性を持つ生物に着目しメカニズムの解明を目指すような研究が多く行われてきました。しかし、詳細な解析が行われた種はまだ一部にとどまり、耐性メカニズムの普遍性や耐性能の決定機構など、未だ不明な点が多く残されております。そこで我々は、アメリカおよびチリの砂漠から採集した紫外線耐性能が少しずつ異なる*Micrococcaceae*科に分類される近縁種数十株を対象に、様々な比較解析を行っています。NGSを用いてゲノム情報を取得し、統計的手法を用いて耐性能の差やコロニーの呈色の違いと配列情報の結び付けを行い、耐性メカニズムの一端を明らかにしようと日々奮闘している次第です。これらの研究成果については、昨年のゲノム微生物学会の年会や今年開催された生命医薬情報学連合大会の年会などでポスター発表を行い、多くの方から様々なご意見を頂きました。

今回のフロンティアミーティングは、私がこれまで持っていた「学会」のイメージとは大きく異なる形式の会で、良い意味で期待を裏切られた形となりました。本学会のポスターセッションはワールドポスターという形式で、A3サイズにまとめたポスターを皆で持ち寄ってディスカッションする仕組みでした。このポスター形式が秀逸で、通常の学会であればボードに貼り付けられたポスターの前で自分の研究を紹介するしかありませんが、この形式であれば自分のポスターを常に持ち歩き、より多くの方と議論を重ねることができます。また、手頃なサイズであるためホテルにも持ち帰ることができ、ラミネート加工がされている為、お酒の席でも安心です。懇親会では結局朝方までポスターを持ち寄って議論を続けてしまいました。研究者の先輩方から、これまでの経験談や研究を行っていく上での信念など、普段はなかなか聞くことが出来ないようなお話を聞くことができました。これは、いつでもポスターが手元にあり、ある意味議論から逃れられない状況だからこそ、活発なディスカッションが続いたのではないか感じます。また、本学会の特徴はディスカッションの時間の多さです。人によって解散時間の異なる懇親会の時間を除いても、なんと10時間近くディスカッションの為の時間が取られていました。最初の内は私も緊張していましたが、世話人の方が場を和ませてくれると近場のグループから次第に議論の輪が広がっていきました。しかし、数時間も話していると自分の研究のことは粗方話し尽くしてしまいます。そうなると、次第に話のネタが研究の本流からずれ、その研究の過程で生じた失敗や奮闘の思い出、研究対象の興味や関心の変遷について話すようになり、最終的にはお互いの夢や将来のビジョンについてなど、親しい友達にもあまり話さないような内容についてもごく自然に話せるようになっていました。個人的に嬉しかったのは、同じくロードバイクを趣味とする友人に出会えたことです。3日目に入る頃には会場全体に不思議な一体感が生まれ、帰りの電車内でも仲良くなった同年代の方達と楽しく話しながら帰ることができました。自分と同じ年代の修士・博士課程の学生が成し遂げた研究成果を目の当たりにすることで、自分ももっと頑張らねば、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。学会で友人を作ることができ

たのは、合宿形式でディスカッションの時間を多くとることのできる本学会だったからだと思います。

本学会では、70人程度という学会としては小規模な人数設定で、3日間同じ会場で時間を過ごしたので、ほとんどの参加者の方と話すことが出来、親密になれたと思います。そのため、我々のような研究者を志す学生など若手世代にぴったりな会なのではないかと強く感じました。また、普段中々お話しすることができない先生方とも活発に議論することができ、多くの叱咤激励を頂きました。自らの研究を見つめ直し次の段階へのモチベーションを上げるためにも、他の大学の学生や他機関の研究者の皆様と交流し議論を交わすことが非常に重要だと感じました。もし来年もフロンティアミーティングが開催されるのであれば、今度は運営の面からもお力添えできればと考えております。そこでより良い研究成果を披露できるよう、皆様から頂いたエールを胸に、日々研究に精進していく所存です。最後になりましたが、本ミーティングへお誘いいただいた本学会の世話人で普段からご指導頂いている河野暢明さん(慶應大・先端生命研)や、このような有意義な会を企画、運営してくださった世話人の皆さんに、心より感謝申し上げます。ありがとうございました。

奈良聖亜

立教大学大学院　理学研究科生命理学専攻
末次研究室　修士2年

私は、2018年10月5～7日に開催された、生命科学系フロンティアミーティング2018に参加させていただきました。本会は、日本ゲノム微生物学会若手の会、光合成学会若手の会、生命情報若手の会の三会合同開催の研究会でした。私は、過去に2回、日本ゲノム微生物若手の会に参加させていただき、今回で3回目の参加となりました。これまでにない形式での開催であったので、参加を楽しみにしていました。研究会は、口頭発表を軸に、ライトニングトーク、ワールドポスター、ワールドカフェなどの企画で構成されていました。私の研究を発表する場はワールドポスターのみでしたが、これらの企画以外にも懇親会などで自身の研究の話をする機会が持てたので、ディスカションに積極的に参加することができ、楽しく過ごすことができました。

我々の研究室では、試験管内でのDNA増幅法の研究開発を行っています。このDNA増幅法は、複製サイクル再構成系（Replication Cycle Reaction；ＲＣＲ）と呼ばれ、大腸菌染色体複製サイクルを試験管内で再構成した系であり、等温反応でゲノムレベルの長鎖DNAを増幅することが可能です。この方法では、複製起点*oriC*を持つ環状DNAを指数関数的に増幅します。私は、*oriC*を持たない環状DNAに対してRCR増幅を行うために、トランスポゾンの転位反応を利用した*oriC*導入系を構築しました。これによって、配列未知のDNAであってもRCR増幅が可能となりました。この系は、環境中のDNAや難培養の微生物ゲノムを増幅して解析する技術への応用が期待されています。しかし、これまでに私は生化学系の実験による技術の開発を主に行ってきたため、開発した技術が何に役立つのか、どのように役立てるのか、についての具体的な道筋やアイデアが不足していると感じていました。今回の三会合同開催の研究会では、他分野の研究者の方とのディスカッションを通じて、特にゲノム解析や情報処理に関する知見を得られることを期待していました。実際に参加してみると、私の研究に興味を持ってくださった方から、「こんなことができるのではないか」や「もっとこんなことはできるようにならないか」といった様々なアドバイスをいただくことができました。また、大きな学会にはないような参加者同士の密接な距離感があったことで、お互いの研究の技術的なポイントや、他分野の研究者の研究に対する考え方など、普段は聞くことができないことについても議論でき、良い経験になりました。意外にも、異なる分野の研究者が集まっているのにも関わらず、研究に対する考え方については、お互いに共通している部分があったことが印象的でした。

これからの研究では、今回の研究会の経験を生かしてバイオインフォマティクスに関する知見を広げていきたいと考えています。次回の研究会では、研究成果を発表し、より多くの方と意見交換できればと思っています。これまでに行ってきた技術研究に関する内容以外にも、バイオインフォマティクスなどを含めた広い分野を取り入れて研究を行い、より幅広い分野の方にも興味を持ってもらえるような良い報告がしたいです。

実験技術紹介コーナー

MinION いろは フィールドに出てみよう編

MinIONの名を一躍有名にした2014-2015年の西アフリカでのエボラウイルス流行時の流行地におけるウイルスゲノム解析調査（Nature 530:228, doi:1038/nature16996）を御存じの方も多いと思います。細菌ゲノムの場合は、de novo解析の他、polymerase chain reaction（PCR）法あるいは野外環境で操作可能なloop-mediated isothermal amplification（LAMP）法を用いた増幅産物を解析する場合もあります。今回は、MinIONによる遠隔地での細菌ゲノム解析を実施している方の経験談をお伺いしました。

Q. MinIONを海外のラボに持ち込み現地で分離菌株の解析をしたいと考えています。これまでのご経験の中で気付かれた注意点をお聞かせいただければ助かります。

A. 一般的に空港で預ける手荷物、機内に持ち込む手荷物に含められるドライアイスは2.5 kgまでです。フローセルが凍らないように気をつける必要があります。ドライアイスは使用せずに保冷剤のみによる保冷が良いかもしれません。

A. MinIONの急な故障に備えて、出張には機械を複数準備するのが良いでしょう。フローセルをまとめて購入する際にONT社に交渉すれば、必要な台数のMinIONの提供を受けることができます。

A. ONT社に研究計画などを伝えれば、MinIONの接続にインターネット接続を必須としないMinKNOWのオフライン版の提供を受けることができました。

A. MinIONによるシークエンシングの際に、気温が高かったり低かったりする場合は効率が低下しますので、保冷剤や携帯用使い捨てカイロなどを用い、機械の温度を35度付近に保つ必要があります。

A. MinKNOW v2.0以降は複数のMinIONを制御できるようになりましたが、USBハブを用いて複数のMinIONを接続すると接続が安定しないこともあります。状況がわかるまで避けたほうが良いでしょう。

（鈴木仁人 佐々木裕子）

お詫び：ニュースレターNo.17の本コーナーの記載に間違いがありました。お詫びいたします。
4個めの回答
誤：A. 1回のRunで100MB程度の生データ（fast5ファイル）が出力されます。
正：A. 1回のRunで100GB程度の生データ（fast5ファイル）が出力されます。

閑 話 休 題

― その6 ― 夏から秋の花々

ここに掲載したのは去年と今年撮った夏から秋にかけて咲く花々です。これらの中には、市街地の道端に咲いている花も、ひっそりと山に咲いている花も、また外国から帰化して生育している植物の花もあり、私はいつも、さまざまな環境に適応して花を咲かせている様子に感銘して撮影しています。（磯野克己）

ノハラナデシコ（ナデシコ科）：
Dianthus armeria L. 2018.6.9 神戸市

サンカヨウ（メギ科）：*Diphylleia grayi*

コアジサイ（ユキノシタ科）：*Hydrangea hirta* (Thunb.) Sieb. et Zucc.　2017.7.6 六甲山

ハゼラン（スベリヒユ科）：*Talinum paniculatum* (Jacq.) Gaertn.　2018.7.8 神戸市

ヤマクワガタ（ゴマノハグサ科）：*Veronica japonensis* Makino　2017.7.27 伊吹山

ヨシノアザミ（キク科）：*Cirsium nipponicum* Makino var. *yoshinoi* Kitam.　2017.10.9 六甲山

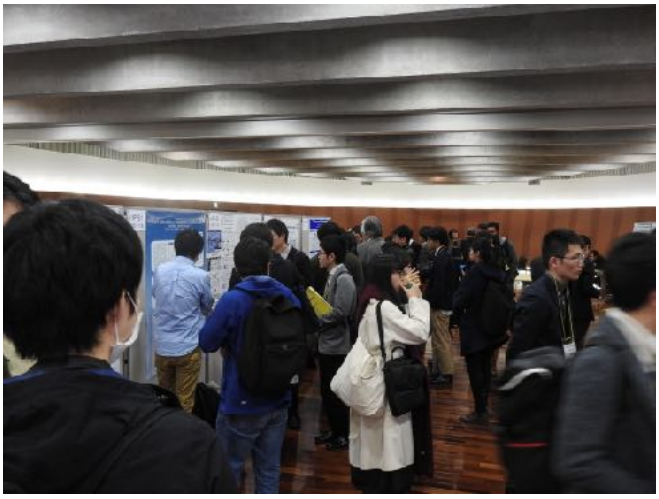
第12回年会を振り返って

跡見　晴幸
京都大学

日本ゲノム微生物学会第12回年会を、2018年3月5日（月）～7日（水）の3日間、京都大学桂キャンパスで開催致しました。事前登録者241名、当日参加者77名、合わせて318名の参加者を得て、盛況のうちに終えることが出来ました。参加者の皆様を始め、組織委員会の先生方およびご支援頂きました各企業・財団に厚く御礼申し上げます。またランチョンセミナーの不開催など、従来の年会と比べて十分な対応ができませんでした。参加者の皆様に深くお詫び申し上げます。

今回は大会3日間とも平日に行い、口頭発表・ポスター・懇親会などを全て桂キャンパス内の船井哲良記念講堂の中で開催することにしました。シンポジウムに加えて一般口頭発表も1つの会場（記念講堂：定員500人）で行いました。ポスター発表は1階の国際連携ホールの半分とロビーのスペースを利用して行いました。ポスターの掲示は会期中貼りっぱなしではなく、前半後半の交代制で行いました。懇親会は大会2日目、ポスター会場でもある国際連携ホール内で行ったため、やや窮屈であったと反省しております。また今回の京都での開催を記念して、京都市関連の財団より支援を頂き、参加者の方々に和風金彩コースターをお渡ししました。

男女共同参画幹事と相談し、今回は託児所を設置せず、会場周辺の施設のご案内と費用をサポートする体制で臨みました。年会前には利用の相談が複数あり、実際1件の利用がありました。学会の開催場所や時期によって参加者のニーズが異なる可能性もあるので、今回のように託児所を設置しない、という選択肢を含めて、柔軟に対応できるような体制の確立が重要と考えます。



プログラムにおいては、シンポジウム2件、口頭発表44件、ポスター発表が133件、ショートトークが57件行われました。若手賞受賞の清家泰介氏（国立遺伝研）による受賞講演もとり行われました。シンポジウムについては、まずアーキアの環境適応や代謝の機構に焦点を当て、シンポジウムI「アーキアのゲノムバイオロジー～ゲノム研究が解き明かす新しいアーキアの姿～」（オーガナイザー：大島拓・金井保）と題して、初日に行いました。シンポジウムIIは最終日に開催され、Viruses govern the world: From the creation of genes to global biogeochemical cycle（オーガナイザー：緒方博之）でありました。新しい試みとして、シンポジウムIIは新学術研究領域「ネオウイルス学」との共催で行いました。フランスAix-Marseille UniversityのJean-Michel Claverie氏の講演もあり、４演題とも英語で行われました。年会終了後には微生物統合データベース「MicrobeDB.jp」の講習会も桂キャンパスAクラスターで開催され、多くの方が参加しました。

最後に今回の運営にご支援頂きました、AE企画、アルバイト学生、船井哲良記念講堂・船井交流センターの方々にこの場を借りて御礼申し上げます。

第13回ゲノム微生物学会のお知らせ

第13回日本ゲノム微生物学会年会を2019年3月6日(水)~8日(金)の3日間、首都大学東京 南大沢キャンパスにて開催いたします。南大沢キャンパスは1991年、東京都立大学の移転に伴って開設され、新宿から京王相模原線（特急）で約40分、新横浜からJR横浜線と京王相模原線で約１時間のところにあります。

今回は新しい試みとして日本農芸化学会と共催でホーム・アンド・アウェー方式のシンポジウムを開催いたします。またシンポジウムとは別に、微生物関係の様々な分野で近年素晴らしい研究をされていらっしゃる６人の方々に招待講演をお願いいたしました。詳細につきましては、決まり次第ホームページに掲載いたしますので、多くの方々にご参加いただけますよう、どうぞよろしくお願いいたします(加藤潤一)。

学会の現況

学会役員（敬称略）

会長：仁木宏典
庶務・会計幹事： 黒川顕、相馬亜希子　**集会幹事**：大島拓、永田裕二　**広報幹事**：黒川顕、大西康夫
ニュースレター幹事：佐藤勉、相馬亜希子、大坪嘉行、広瀬侑、佐々木裕子　**男女共同参画幹事**：佐々木裕子、矢原耕史
評議員（会長推薦を含む）：饗場浩文、跡見晴幸、有田正規、得平茂樹、板谷光泰、應蓓文、小椋義俊、片山勉、加藤潤一、北川正成、高見英人、中村保一、丸山史人、森浩禎、吉田健一、渡辺智
会計監査：塩見大輔、田中寛

会員の動向

会員数 525 名（平成30年11月現在）
一般会員 369名；学生会員 139名；名誉会員 3名
賛助会員 13 団体； 機関会員 1 機関