

AMED-CREST/PRIME

微生物叢と宿主の相互作用・共生の理解と、それに基づく  
疾患発症のメカニズム解明

# News Letter vol. 7

May 2021



## Contents

研究開発総括挨拶	02
研究開発支援拠点について	04
領域内研究者の紹介	06
領域内研究者の受賞・昇進・異動について	08
論文プレスリリース紹介	11
領域アドバイザーより	12
領域会議、成果発表会及び関連集会のご案内	13
関連学会年会情報	14

### ニュースレターvol.7の発刊にあたり

笹川千尋（千葉大学真菌医学研究センター）



5月に入り高齢者に対するコロナワクチンの接種が全国的に開始され、コロナ禍の収束に期待が高まります。しかし変異型コロナウイルスが世界各地で猛威をふるっている状況をみると、コロナパンデミックが現行のワクチンだけで押さえ込むことができるか予断を許しません。一方欧米では、パンデミックと同時に、コロナウイルスの感染・伝搬機構・遺伝子情報等の研究が凄まじい勢いで展開され、それと同時に、mRNAやウイルスベクターワクチン等の開発と認可が驚異的なスピードで行われ、既に一億人以上にワクチン接種が行われたことは驚嘆すべきことです。しかし百年に一度の大惨事でありながら、我が国では海外のワクチン承認申請及び接種体制の準備にいまだに手間取っていることは信じられません。

コロナパンデミックの発生と同時に臨床医と基礎研究者が連携して、宿主免疫応答・病態・治療・後遺症等に関する臨床研究が即時に開始され、瞬く間に研究論文がトップジャーナルに次々に掲載されたことも驚きでした。コロナウイルスの感染に対する過剰な免疫応答と、その結果として引き起こされる肺・腎・心・血管系等の機能障害が、COVID-19の重篤化と密接に関わり、又重症化の要因として加齢や生活習慣病等があることも明らかにされました。因みに本領域との関連で、新型コロナウイルス感染症(COVID-19)と腸内微生物叢（microbiome）関連の論文をPabMedで検索すると、既に500報近くがヒットします。ワクチンと抗ウイルス薬に続く「第三の予防・治療薬」として、'microbiome'に対する期待が国際的にも高まっていることを強く感じます。

一年半余に及ぶコロナ禍では、社会にも新しい生活様式が次第に定着しつつあります。この間に「テレワーク」、「スローライフ」、「スローフード」、「ジェンダーレス」、「再生可能エネルギー」等の標語を目にする機会が以前にもまして増え、「多様で安心な未来社会」のあり方に人々の関心が集まっています。ポストコロナの社会は、元の社会に戻るのではなく、むしろ未来型社会を目指す転換期として、前向きに捉えようとする人々が増えていることに勇気付けられます。後世に今のコロナ禍に対する社会の取り組みがどのように評価されるかわかりませんが、「パンデミックの終息」に加えて「未来型社会への転換期」としても、後世の歴史に残ることを期待します。

最後になりましたが、ご承知のように6月には本領域の中間評価が実施されます。事務局の水口さん、大仁さんに資料の取りまとめをして頂き、おかげさまで中間評価の実施に向けた評価用資料を完成することができました。これに関しては、昨年度末より領域の皆様には度々ご協力をいただき、この場をお借りして感謝いたします。中間資料は、公開資料と非公開資料の二部構成で、全体として130ページとなりました。中間評価資料により

## 研究開発総括挨拶（前ページの続き）

---

本領域の5ヵ年（平成28年度より令和2年度）の研究・開発活動と、それらによる成果の全貌を俯瞰することが可能となると同時に、今後解決すべき諸課題を洗い出す機会にもなりました。本領域より特筆すべき研究成果が多く出されましたが、同時に若手研究者の育成にもおおいに寄与することができたことは幸いでした。

本領域の後期も暫くはコロナ禍で研究・教育・医療等でご苦労が多いことと思いますが、引き続きよろしくお願い致します。

# 研究開発支援拠点について

## ヒトマイクロバイオーーム研究開発支援拠点について

豊田敦<sup>1</sup>, 森宙史<sup>1</sup>, 有田正規<sup>1</sup>, 國澤純<sup>2</sup>

(1. 国立遺伝学研究所,

2. 医薬基盤・健康・栄養研究所)

本支援拠点は、4つのグループが密接に連携しながらヒトマイクロバイオーーム研究の基盤を構築することを目的として、[1] シーケンシングおよび情報解析の支援、[2] 領域内のデータ共有システムの構築、[3] ヒトマイクロバイオーーム統合データベースおよびデータショーケース・ポータルサイトの構築、[4] 倫理指針の策定、[5] ヒトマイクロバイオーーム研究の実験・情報解析の推奨プロトコルの提案、[6] 実験・情報両面での支援に資する高度技術開発、という6つの課題に取り組んでいます。

シーケンシング支援は、糞便などからのDNA抽出やMiSeqを用いたアンプリコンシーケンシングを医薬基盤・健康・栄養研究所・國澤グループが担当しています。国立遺伝学研究所（遺伝研）・豊田グループでは、主にショートリード（illumina NovaSeq6000/HiSeq2500）を用いたショットガンメタゲノムやメタトランスクリプトーム解析を行っています。さらに、ロングリード（PacBio Sequel IIや Nanopore GridION）を活用して、個別菌の新規ゲノム解析やメタゲノムシーケンシングの支援も実施しています。また、昨年度から初の試みとして費用負担を求めないシーケンシング支援の公募を行い、それらをあわせると昨年度は約20件の支援を行いました。今後も引き続き、費用負担がないシーケンシング支援を公募する予定です。なお、シーケンシング支援（費用負担有）や情報解析支援は、随時受け付けていますので、支援依頼をお待ちしています。

得られた配列データの情報解析支援は、遺伝研・森グループが担当しており、領域内のグループからの依頼により個別菌のゲノム配列や糞便等のアンプリコン、メタゲノムデータの解析支援を数多く行なっています。また、マイクロバイオーームのメタボローム解析の技術相談やデータ共有の支援などについては、遺伝研・有田グループが担当しています。なお、支援を行った各研究に最後まで責任を持つために、基本的には共同研究形式で実施しております。倫理面に配慮が必要なサンプルに関しては、本支援拠点のメンバーを含んだ倫理計画書やインフォームドコンセントの説明文書の変更手続きが必要となります。同様に、遺伝研や医薬基盤・健康・栄養研究所においても、所内の倫理審査に申請が必要です。倫理審査は申請後承認まで多くの時間がかかることがありますので、支援を少しでも考えておられる領域内の先生におかれましては、お早めにご相談いただければ幸いです。

支援で得られた配列データは、個々の研究に特化した情報解析とは別に、遺伝研のスパコン上にて同一パイプライン(MeGAP3)で情報解析を行い、得られた属組成やKEGG Orthologyなどの遺伝子機能組成の統計情報を統合データベースに格納して、本領域内で得られるヒトマイクロバイオーームデータを領域内外での積極的な共有を進めていきたいと考えておりますので、配列に付随するサンプルのメタデータの提供等のご協力の程、よろしくお願い致します。



## 研究開発支援拠点について

---

マイクロバイオームのシーケンシング・情報解析支援・メタボローム解析等についてのお問い合わせ・ご相談につきましては、森にご連絡(hmori@nig.ac.jp)いただくか、支援拠点で運営しております領域Webページのフォーム(<http://hmportal.org/contact>)に入力をお願い致します。

次に、ヒトマイクロバイオーム統合データベース(HMGDB: Human MetaGenome Database)ですが、公開済の約51万サンプルのヒトとマウスのマイクロバイオームデータを森グループが中心となって収集・整理・再解析し、系統組成や遺伝子機能組成などの統計情報の閲覧や病気や年齢などでサンプルの検索が可能なサイトを構築しています。ヒトマイクロバイオームに特化はしていない、海水や土壌等のマイクロバイオームデータも含んだデータベースは、JSTのプロジェクトで構築し<https://microbedb.jp/analysis/metagenome>から公開済みですのでご活用ください。一方HMGDBでは、特にDDBJから公開済みの日本人のマイクロバイオームデータの収集とメタ情報などの整備を重点的に進めており、約19,000件（アンプリコン約18,000件、ショットガン約1,000件）の日本人のマイクロバイオームデータを整理してサイトで公開準備中です。また、ヒトマイクロバイオームを含む広範なメタボローム解析の生データを登録および公開して共有できるレポジトリも有田グループが整備を行い運用を開始しましたので、ご要望などございましたら是非ご連絡ください。

ヒトマイクロバイオームの推奨プロトコルについては、日本人の腸内マイクロバイオームのmockコミュニティを大野先生や領域アドバイザーの先生方と共に準備していただきました。豊田グループでシーケンシングを行って得られたシーケンスデータについて、様々な情報解析手法間の系統組成の比較解析を森グループで行ない、論文投稿中です。このサンプルを用いて実験および情報解析手法の検討を行うことで、アンプリコン・メタゲノム解析のプロトコルを今後提案したいと考えております。また、数に限りがありますが、mockコミュニティを領域内で頒布可能な体制を整備しましたので、ご希望の方はご連絡ください。

最後に、支援に資する高度技術開発については、ゲノムの高次構造解析などに利用されるHi-C法やlinkedリード、他の手法のメタゲノムデータを組み合わせることにより微生物叢の高精度なゲノム配列の構築法の開発を進めるとともに、さまざまな実験手法で得られたアンプリコンやメタゲノムデータを機械学習の技術を利用したデータブリッジングのプログラム開発などに活用することを計画しており、マイクロバイオーム研究の更なる発展に貢献したいと考えています。今後ともどうぞよろしくお願い致します。

## 領域内研究者の紹介

### 福田 晃久（京都大学医学部附属病院 消化器内科）

微生物叢PRIMEの第三期に採択いただきました、京都大学医学部附属病院消化器内科の福田晃久と申します。

本研究領域において研究の機会を与えていただきました笹川千尋先生、大野博司先生、アドバイザーの先生方にはこの場をお借りして心より深謝申し上げます。領域内研究者の先生方との領域会議などでの交流を通して、いつも勉強させて

いただいております。そしてAMEDの水口さま、大仁さまにはいつも大変お世話になっており、感謝申し上げます。2018年10月から研究を開始してから早2年半が経過しました。

膵がんは5年生存率が8%程度と最も予後不良な難治性がんのひとつで、現在国内でがん死因の第4位ですが、罹患患者数・死亡数ともに増加の一途をたどっております。近年、ヒト腸内細菌および口腔内細菌が癌の発生に関連しているとの報告がなされ、膵がんにおいても、特定の腸内細菌および口腔内細菌が発症のリスクであることが海外のグループから報告されました。しかしながら、日本人において、腸内細菌・口腔内細菌が膵がん発症のリスクであるかどうか、また膵がんの発症にどの腸内細菌・口腔内細菌がどのように関与・寄与しているかはまだ分かっておりません。

我々は、元々ビオフェルミン製薬との共同研究にて膵がん患者の腸内細菌叢、口腔内細菌叢の解析に着手しておりました。AMEDの「微生物叢」領域で本研究を採択いただきまして、領域会議での交流をきっかけにしまして、研究開発支援拠点の国立遺伝学研究所 森宙史先生、医薬基盤研 國澤純先生、細見晃司先生との共同研究にて膵がん患者の腸内細菌叢・口腔内細菌叢・膵臓の細菌叢の解析を進めさせていただいております。これまで日本人のヒト膵がん患者と健常者の口腔内細菌、腸内細菌叢について解析を行いました結果、膵がん患者では口腔内・腸内細菌叢の多様性が低下しており、膵がん患者では健常者に比べて、特定の口腔内細菌・腸内細菌叢がともに増加している、あるいは減少していることがわかってきました。今後、膵がんモデルマウスに上記の腸内細菌を感染させて、膵発がんが促進されるか、あるいは抑制されるかを解析し、ヒト膵がんと腸内細菌・口腔内細菌との関連性、および膵発がんに関与する腸内細菌が及ぼす影響について明らかにしていきたいと思っております。日本人においてどのような腸内細菌・口腔内細菌が膵がん発症のリスクであるかを明らかにし、膵がんの予防・治療に役立つ知見を得ることを目標に、今後も本領域の先生方からご助言と御支援を賜りながら研究を進め、本研究領域に貢献できるよう努めて参ります。今後とも、どうぞよろしくお願い申し上げます。



## 領域内研究者の紹介

**藤坂 志帆（富山大学学術研究部医学系 第一内科）**

**研究室webサイト**

<http://www.med.u-toyama.ac.jp/medicin1/>



2018年度PRIME 3 期に採択をいただきました、富山大学第一内科の藤坂志帆と申します。助成をいただき研究を開始して、2年半が経過しました。大変恵まれた状況で研究できる環境を与えていただきました、PS笹川千尋先生、PO大野博司先生はじめアドバイザーの先生方、領域の先生方、AMED水口様、大仁様に心より感謝申し上げます。

私は糖尿病・代謝領域の臨床医で、大学院時代の研究テーマは「肥満・2型糖尿病における内臓脂肪組織マクロファージの役割」でした。肥満から生じるインスリン抵抗性のメカニズムをより深く学びたいとアメリカに留学したことをきっかけに「腸内細菌叢が代謝に及ぼす影響」とそこに秘められたパワーに魅了されました。帰国後も腸内細菌叢に関する研究を継続したいと考えておりました。本研究開発領域に採択いただくことで、大きな力で背中を押していただき、富山大学に初めて無菌マウスの飼育アイソレーターを立ち上げることができました。

腸内細菌叢は代謝産物を生み出したり、腸内環境を変化させたりすることで代謝に様々な影響を及ぼすことが知られております。遺伝的、環境的背景が異なるマウスに抗菌薬を投与し血漿の網羅的メタボローム解析を行うと、腸内細菌叢の変化とともに実に多くの代謝物が変化し、糖代謝の表現型に現れます。本研究開発領域では様々な栄養組成の食餌を摂取させた無菌マウスと有菌化マウスに同条件で血漿の網羅的リポミクス解析を行い、腸内細菌叢由来の脂質プロファイルの変化と糖代謝との関係を報告することができました。さらに、和漢薬、防風通聖散が腸内細菌叢の変化を介して腸管バリア機能を高め、インスリン抵抗性を改善する新たな作用も見出すことができました。最近ではあるポリフェノールによる腸内環境の変化が抗肥満作用をもたらす結果を得ており、もう少し研究を進めていつかご報告できればと考えております。

今後も研究開発領域の先生方のご支援とご助言を賜りつつ、腸内細菌叢が代謝に与えるインパクトとそのメカニズムを少しずつでも発信できるよう、全力で取り組んで参ります。PRIMEでの研究期間は残り1年を切りましたが、この先も末永くご指導をいただきますよう、どうかよろしくお願い申し上げます。

## 領域研究者の受賞・昇進・異動について

### 【受賞】

昨秋から今春にかけて多くの先生方が受賞されました。おめでとうございます。ご紹介致します。

・大阪大学 岡田 随象先生：**第17回学術振興会賞**

・国立がん研究センター 西川 博嘉先生：**米国科学振興協会（AAAS）フェローに選出**

領域総括の笹川千尋先生が、令和3年春の叙勲で、**瑞宝中綬章**を受章されました。  
本領域のご指導をいただき、感謝を申し上げますと共に、心よりお祝い申し上げます。

Vol.6後の領域内研究開発代表者、分担研究者先生方のご昇進・ご異動につきましては、以下の通りです。

### 【昇進】

岡本 章玄 先生：国立研究開発法人物質・材料研究機構 独立研究者 →  
グループリーダー

森 宙史 先生（豊田先生ユニット研究分担者）：国立遺伝学研究所 情報研究系 助教  
→ 准教授

藤坂 志帆 先生：富山大学 学術研究部医学系 助教 → 准教授

### 【異動・昇進】

小幡 史明 先生：東京大学大学院薬学研究科 講師 → 理化学研究所生命機能科学研究センター 栄養応答研究チーム チームリーダー

松井 毅 先生（天谷先生ユニット研究分担者）：理化学研究所生命医科学研究センター 皮膚恒常性研究チーム副チームリーダー → 東京工科大学応用生物学部 皮膚進化細胞生物學研究室 教授（兼務 理研 同チーム客員主幹研究員）

佐々木 伸雄 先生（金井先生ユニット研究分担者）：慶應義塾大学医学部内科学（消化器）教室 → 群馬大学生体調節研究所 粘膜エコシステム調節分野 教授

（アドバイザー）熊ノ郷 淳 先生：大阪大学医学系研究科長 医学部長就任

（アドバイザー）坂田 恒昭 先生：大阪大学共創機構 特任教授（塩野義製薬をご退職）



## 領域内研究者の受賞

### AAAS (American Association for the Advancement of Science) 2020 fellow 選出に寄せて

西川 博嘉

国立がん研究センター 研究所 腫瘍免疫研究分野／先端医療開発センター 免疫TR分野  
名古屋大学大学院医学系研究科 微生物・免疫学講座 分子免疫細胞学

アメリカ科学振興協会(AAAS) fellowの歴史は1874年に遡り、各研究分野において、イノベーション、教育、および科学におけるリーダーシップに貢献した研究者に贈られます。2020年は24の研究分野から489名のfellowが選出され、私はMedical Science分野で選出して頂きました。本来であればワシントンDCで授賞式が開催されるはずでしたが、本年はコロナ禍のため2021年2月13日にvirtualで授賞式があり、rosette pinを頂きました。



私は、医学部卒業後25年以上にわたり免疫研究、特にがん免疫研究に携わってきました。私の研究は、免疫原性の高い自己抗原を認識するCD4陽性ヘルパーT細胞がCD8陽性T細胞の効率的な活性化を誘導することを示したことから始まりました。その後、同じ高免疫原性の自己抗原が免疫抑制性のCD4陽性制御性T細胞にも認識され、両者の活性化のバランスが炎症性サイトカインによりコントロールされているということを解明しました。この免疫系が持つ「巧妙なバランス」に魅せられ、留学して研究を継続しました。留学先ではマウスで行ってきた研究をヒトに展開し、免疫系のバランス調節機構の一つであるCD4陽性制御性T細胞がヒトの抗腫瘍免疫応答の抑制に重要であることを明らかにすることができました。帰国後は制御性T細胞の発見者である坂口志文教授のもとで研究を進め、自己由来のがん抗原（現在はshared 抗原と呼ばれる）に対するCD8陽性T細胞は、CD4陽性制御性T細胞による免疫抑制により特徴的な不応答（アネルギー）状態に陥ることを示し、免疫学の長年の課題であったアネルギー状態の本態を解明することができました。

現在はCD4陽性制御性T細胞をはじめとした免疫抑制ネットワークが腫瘍微小環境で抗腫瘍免疫応答を抑制する機構の解明に取り組むとともに、それを克服する治療法の開発を進めています。特にCD4陽性制御性T細胞による免疫抑制の研究を発展させ、抗腫瘍免疫応答に重要なCD8陽性T細胞がCD4陽性制御性T細胞により免疫寛容に陥る機構が自己vs

## 領域内研究者の受賞

---

非自己という抗原の性質の違いにより異なることを発見しました。これらの知見は、がん免疫のみならず、自己免疫、アレルギー、感染症、移植などの様々な免疫応答の理解にも極めて重要と考えられます。さらに、がん細胞のゲノム異常が免疫応答に影響を与え、腫瘍微小環境に免疫抑制ネットワークを構築するという発がん過程の全く新しい概念を提唱し、免疫ゲノムプレシジョン医療の実現に取り組んでいます。

本AMED-CREST課題ではがん患者の免疫応答を検討し、自己vs 非自己という抗原の性質の違いによる免疫抑制機構に宿主がもつ腸内細菌叢が重要な働きをしていることが明らかにしてきました。免疫チェックポイント阻害剤を投与された患者の腸内細菌叢の解析から治療効果と相関する新種の菌株を同定しました。これらの菌株は、抗原提示細胞に作用して成熟化を調節することにより、抗原性の違いによる免疫抑制機構に影響を与えることで、免疫チェックポイント阻害剤の治療効果に影響を与えていることを解明しました。今後は本菌株、菌体成分もしくは代謝物を用いて治療効果へのインターベンションが可能なかを検討して臨床応用に展開していきたいと考えております。

## 論文プレスリリース紹介

---

・慶應義塾大学 笹部潤平先生、鈴木将貴先生の本領域での研究に関する論文が、Science Advances電子版（3月3日）に掲載となりました。AMEDからも共同プレスリリースを行わせていただきました。

### **腸内細菌のD-アミノ酸が粘膜免疫を制御する仕組みを解明**

[https://www.amed.go.jp/news/release\\_20210304-01.html](https://www.amed.go.jp/news/release_20210304-01.html)

・理化学研究所 松井毅先生、慶應義塾大学 天谷雅行先生の本領域での研究に関する論文が、Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America; PNASオンライン版（4月26日）に掲載となりました。AMEDからも共同プレスリリースを行わせていただきました。

### **皮膚表皮細胞の細胞死過程を解明—細胞内の酸性化が正常な角層形成に重要**

[https://www.amed.go.jp/news/release\\_20210426-01.html](https://www.amed.go.jp/news/release_20210426-01.html)

・千葉大学 倉島洋介先生の本領域での研究に関する論文が、Nature Communications（2月13日）に掲載となりました。時間の関係で、AMEDからは成果情報掲載を行わせていただきました。

### **膵臓が細菌感染から腸を守る新たな機構を発見—膵臓が腸の粘膜の第一線のバリアとして働くタンパク質を分泌**

<https://www.amed.go.jp/news/seika/kenkyu/20210305.html>

プレスリリースは行っておりませんが、アドバイザー黒川顕先生、松木隆広先生らの微生物叢の研究に関する論文がISME J（3月15日）に掲載されました。紹介させていただきます。

<https://www.nature.com/articles/s41396-021-00937-7>

先生方のご活躍にお慶びを申し上げます。

## 領域アドバイザーより

### 微生物叢研究に想うこと

大阪大学共創機構 特任教授 坂田恒昭



今回はヘルスケア業界からみた、微生物叢研究について述べてみる。医薬品業界における微生物研究は抗生物質の研究の歴史である。日本の医薬品業界は抗生物質の研究開発を得意としていた。ところが最近では抗生物質の使用をなるべく控えるようにという指導があり、多くの医薬品会社が感染症分野から撤退している。そのために微生物を研究して社会実装する研究者が減っているのが現状である。

また、最近の研究のトレンドとして一つの分子ではなくてomeという分子の総体で扱う研究が盛んに行われるようになってきている。genome、proteome、metabolome然りである。微生物叢（微生物の総体）microbiomeもそういう分野の一つである。

一方、近年のゲノム研究の進展によって、遺伝子の多型が病気の素地を与え、環境因子と相まって発症すると言われている。この環境因子というものの本質の一つが微生物叢であるようだ。ライフサイエンス業界では近年特に微生物叢研究が注目され、アカデミアとの病因解明の共同研究が進んでいる。政府も情報を活用した健康生き生き社会の実現を謳っている。健康のバロメーターの一つとして便中の微生物叢を計測していくというのが提案されている。スマートシティー・スマートハウス構想にも日々の便中の微生物叢の計測機器が取り入れられようとしている。ただ、この研究を非常に困難なものにしているのは検証が非常に難しく、個人個人の個別化現象になりかねない。これは、最近のオミックス研究に共通して言えることである。今後のAIの活用も期待されているところであるが、どの程度効力を発揮できるかは未知数である。

一方医薬品業界における業界用語としてモダリティという言葉がある。医薬品の概念という意味で、低分子化合物、タンパク医薬品、ペプチド医薬品などがある、最近では抗体医薬品、核酸医薬品と言った新しいモダリティも上市され、市場において主要なプレゼンスを保っている。

この新しいモダリティという意味では善玉微生物を生菌製剤として投与してみる。また悪玉微生物を死滅させてやると言った手法が病気の治療には有効かもしれない。さらには微生物叢をコントロールするためにバクテリオファージもしくは医薬品の投与による微生物叢の変化をもたらすという新しい治療の概念をもたらすかも知れない。

皆さんの最近の最大の関心事は新型コロナウイルス感染が一体いつになったら収束するのかということであろう。欧米の医薬品企業がmRNAワクチンを一年も満たずして開発し、接種が始まっている。日本も核酸研究には長い歴史を持っているが、核酸ワクチンの開発には大きく後れを取った。この原因として、日本人のリスクを取りたがらない国民性はもちろんのことはあるが、産官学のレギュラトリーサイエンスの議論が不足していたからだともいえるのではないか。今後、微生物叢研究からの創薬を考える上にも大きな課題として残っている。

このように新しい時代の微生物（叢）研究が注目され、それにより健康指標のバロメーターが確立され、健康寿命の延伸につながることを期待する。



## 「微生物叢」領域会議、成果発表会及び関連集会のご案内

### 令和3年度予定の会合等

#### ○H29年度採択（2期）課題評価会

AMED-CREST課題中間評価会 6月7日（月）

PRIME課題事後評価会 6月8日（火）

を予定しております。ご発表の先生方、ご準備お願い致します。

#### ○領域中間評価会

6月3日（木）実施予定です。先生方には、資料ご提供いただきありがとうございました。

#### ○若手の会

8月27日（金）

PRIME代表者を主とした若手研究者の発表と情報交換の会を予定しています。会場開催の場合は、東京駅近辺を予定しております。詳細は、別途ご連絡させていただきます。

#### ○領域会議

令和4年2月4日(金) ～ 5日(土) 午前中

日程のみ確定させていただきます。会場開催の場合は、東京駅近辺の予定です。多数のご参加をお願いいたします。各課題の参加者リストにご記載いただいている方のご参加が可能です。また、事前にURLからの参加申し込みをいただく必要がありますのでご注意ください。

## 関連学会年会情報

昨今の事情により、多くの国内・国際学会が中止・延期・Webのみでの開催になっております。下記に、2021年5月末時点での関連各学会大会の開催予定をリスト化しました。あくまで、5月末時点の情報であり、最新情報はそれぞれのリンク先でご確認いただけますと幸いです。

イベント名	現在の開催 日程	状況	Conference site URL
第25回腸内細菌学会学術集会	2021年 6月1-2日	WEB 開催	<a href="https://bifidus-fund.jp/meeting/index.shtml">https://bifidus-fund.jp/meeting/index.shtml</a>
第49回内藤コンファレンス 「マイクロバイオームの健康・ 医療への応用」	未定	延期	<a href="https://confit.atlas.jp/guide/event/naito49/top">https://confit.atlas.jp/guide/event/naito49/top</a>
第94回日本生化学会大会	2021年 11月3-5日	現地開催 を予定	<a href="https://www2.aeplan.co.jp/jbs2021/index.html">https://www2.aeplan.co.jp/jbs2021/index.html</a>
第44回日本分子生物学会年会	2021年 12月1-3日	現地開催 を予定	<a href="https://www2.aeplan.co.jp/mbsj2021/index.html">https://www2.aeplan.co.jp/mbsj2021/index.html</a>
第50回日本免疫学会学術集会	2021年 12月8-10日	ハイブリ ッド開催 を予定	<a href="https://www2.aeplan.co.jp/jsi2021/index.html">https://www2.aeplan.co.jp/jsi2021/index.html</a>
World Microbe Forum (ASM and FEMS collaboration)	2021年 6月20-24日	WEB 開催	<a href="https://www.worldmicrobeforum.org/">https:// www.worldmicrobeforum.or g/</a>
The International Human Microbiome Consortium Congress 2021	2021年 6月27-29日	WEB 開催	<a href="https://ihmc2021.com/">https://ihmc2021.com/</a>

### AMED-CREST/PRIME 微生物叢 News Letter Vol.7

発行：2021年5月31日

編集者：AMED-CREST「ヒトマイクロバイオーム研究開発支援拠点の形成」豊田敦  
：チーム

連絡先：大学共同利用機関法人 情報・システム研究機構 国立遺伝学研究所 情報研究系  
ゲノム多様性研究室 森宙史

〒411-8540 静岡県三島市谷田1111 TEL：055-981-9438

E-mail：hmori@nig.ac.jp