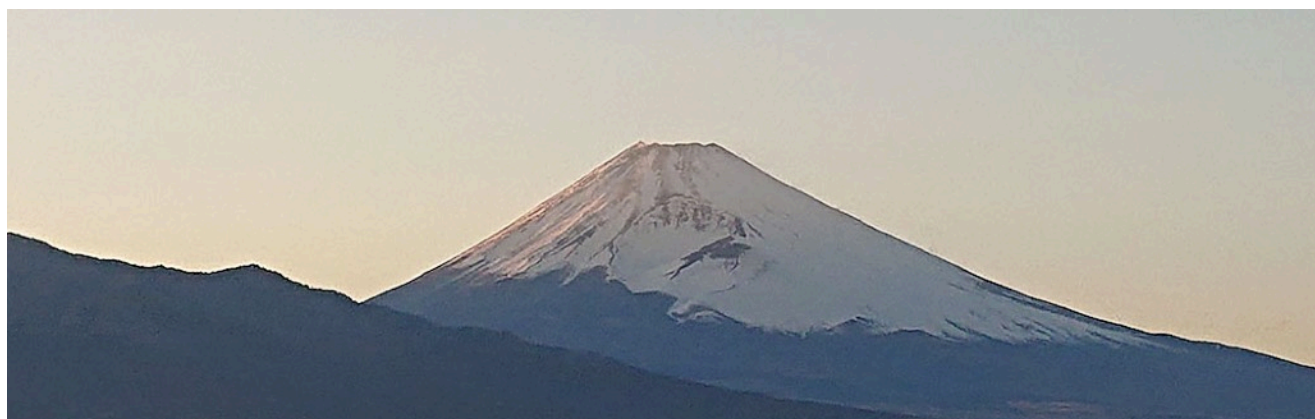


AMED-CREST/PRIME

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. 3

June 2019



Contents

研究開発副総括挨拶	02
研究開発支援拠点について	03
領域内研究者の紹介	05
サイトビジット報告	09
領域内研究者の受賞・昇進・異動等について	11
領域会議、成果発表会及び関連集会のご案内	14
関連学会年会情報	15

ニュースレターvol.3の発刊にあたり

大野博司（理化学研究所生命医科学研究センター）

AMED-CREST/PRIME「微生物叢」領域のニュースレター第3号の発刊にあたり、巻頭のご挨拶を申し上げます。

本領域が発足してから3年がすぎ、3期にわたった公募も昨年度までで全てが終了致しました。その結果、ユニットタイプ（AMED-CREST）11件（うち拠点1件）、ソロタイプ（PRIME）24件が採択され、ソロタイプの第1期課題は早くも最終年度を迎えることとなりました。11月には第一回目の課題評価会を予定しております。

各研究課題の先生方の研究室を訪問して研究進捗や研究を進める上での問題点について伺うと共に研究設備などを視察するサイトビジットも平成29年度末の大阪大学を皮切りに順次実施しており、これまでに第1期はユニットタイプ5件、ソロタイプ7件（もう1件は7月に予定）、第2期もユニットタイプ2件、ソロタイプ5件と、計19件の訪問を終えました。訪問先の先生方には、そのための部屋のご準備などで御手数をおかけ致しました。本年11月までにさらに6件が既に予定されており、その先も順次日程調整の上全ての課題について実施していく予定ですので、ご協力をよろしくお願い致します。

領域の研究を広く周知するために公開シンポジウムも、去年の腸内細菌学会に続き、本ニュースレターでも紹介するように、9月の日本生化学会で本領域の研究代表者によるシンポジウムを企画しております。領域の関係者の先生方の積極的な参加をお願い致します。



ヒトマイクロバイオーーム研究開発支援拠点の形成に向けて

豊田敦¹, 森宙史¹, 有田正規¹, 國澤純²

(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・豊田グループでは、主に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、PacBio SequelやNanopore GridIONの長鎖型シーケンスシステム、および、疑似ロングリードを作成する10X Genomics Chromiumシステム、クロマチンの相互作用（高次構造）を検出するHi-C法などを活用して、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。昨年度のシーケンシング支援実績は7課題ですが、今後、数多くの支援依頼をお待ちしております。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10課題行なっております。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おります。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、経費については、必要な試薬代等の実費を原則支援依頼者の負担とさせていただきます。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する必要がありますので、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、領域内外の方々に閲覧できるようにする予定です。倫理面に配慮が必要なデータについては、個人ゲノムデータで実績のあるDDBJアクセス制限データグループ共有データベースサービス上に格納し、支援依頼者がアクセス制限付きで配列データを取得・共有できるようにしています。(次ページに続く)

研究開発支援拠点について (前ページの続き)

その後、研究論文が出版された際には、共有データベースからJGA (Japanese Genotype-phenotype Archive)にデータを移行させることにより、アクセス制限付き公開が可能になります。今後、本共有データベースシステムを用いて本領域内で得られるヒトマイクロバイオームデータを領域内外での共有を進めていきたいと考えていますので、ご協力のほど、よろしくお願い致します。なお、マイクロバイオームのシーケンシングおよび情報解析支援についてのお問い合わせ・相談については、森にご連絡 (hmori@nig.ac.jp) いただくか、支援拠点で運営しています領域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 (HMGBD: Human MetaGenome Database) ですが、森グループが中心となって公開済の約11万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再解析し、系統組成や遺伝子機能組成などの統計情報、比較解析の結果などを閲覧や検索ができるサイトを構築しており「<http://hmgdb.jp>」から公開する予定です。このデータベースでは、特に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進めています。現時点では、DDBJから公開済みのデータを集めたのみとなっております。今月になって、豊田グループも別プロジェクトで関わった、日本人腸内のショットガンメタゲノムデータが約600人分DRAから公開され [Yachida et al. 2019 Nature Medicine]、公開済みの日本人のショットガンメタゲノムデータが倍増し1000サンプルを超えました。それらのデータの計算・収録が完了し次第、HMGBD version 1として上記URLから公開します。今後も、日本人のマイクロバイオームデータについて、重点的に収集・整理を進めていく予定です。また、ヒトマイクロバイオームの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進めていますので、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データの倫理指針については、関連分野への影響も大きいため、企業を始め多くの方々との意見交換を進めており、本領域においてもご意見をお伺いしたいと考えています。

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おり、現在シーケンシング中です。今後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・メタボローム解析のプロトコルを提案する予定です。

最後に、支援に資する高度技術開発については、ロングリードやHi-C法を用いたメタゲノムデータからの高精度なゲノム配列決定手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おります。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

本号では、本領域の第1・2期PRIMEの研究者の方々の簡単な紹介文を掲載しております。執筆くださった皆様、ご協力いただき誠にありがとうございました。

澤 新一郎（九州大学 生体防御医学研究所）

平成28年度のPRIME 1期生の澤新一郎と申します。まず、平成から元号が変わった今回のニュースレター寄稿となりましたこと、お詫び申し上げます。

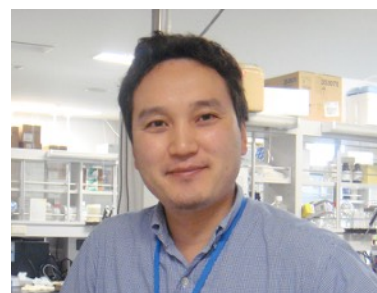
本研究課題では「新生仔期の腸内細菌叢がどのように形成され、のちの宿主健康状態に影響を与えるのか？」という視点から研究を行なっております。腸内の細菌叢は母体から生着すると考えられておりますが、その生着には腸内環境を作る食餌や宿主免疫系が重要な役割を果たすことが知られています。私は、約10年前に3型自然リンパ球（ILC3）の発見に携わり、ILC3が新生仔の腸管における主要なリンパ球であることに気づきました。そこで、「ILC3が新生仔期の腸内細菌種の選択や数の制御に影響を与えている」との仮説を立てるに至り、遺伝子改変技術を用いて作成したILC3のみを除去可能なマウス(北海道大学より特許出願中)で検証しようと試みています。新生仔期にILC3を除去しますと、上皮バリアが脆弱になるだけでなく、獲得免疫系の形成・成熟にも影響を与えることも明らかになってきました。どうやら、ILC3は免疫系の基盤構築という大きな役割を担っているようです。

本年1月、九州大学生体防御医学研究所に新設された粘膜防御学分野の教授職を拝命し、札幌から福岡までの2000kmの距離をマウスとともに移動することになりました。現在、ようやく研究室が再稼働しつつある状況です。生体防御医学研究所では多階層オミックス研究が盛んで、メタゲノム解析のみならず、ILC3欠損が宿主に与える影響を様々な角度から解析できるのではと考えております。また、本研究がきっかけとなり、ある製薬企業との共同研究を開始するに至りました。

残り短い期間となりましたが、本領域の先生方のお力を借りつつ、研究を進めてまいりたいと考えております。引き続きどうぞよろしくお願いいたします。

主要論文

1. Nagashima K, Sawa S, Nitta T, Tsutsumi M, Okamura T, Peninger JM, Nakashima T and Takayanagi H: Identification of subepithelial mesenchymal cells that induce IgA and diversify gut microbiota. *Nature Immunology*, 18(6), 675-682, 2017
2. Sawa S, Lochner M, Satoh-Takayama N, Dulauroy S, Bérard M, Kleinschek M, Cua D, Di Santo JP, and Eberl G: ROR γ t⁺ innate lymphoid cells regulate intestinal homeostasis by integrating negative signals from the symbiotic microbiota. *Nature Immunology*, 12(4): 320-326, 2011
3. Sawa S, Cherrier M, Lochner M, Satoh-Takayama N, Fehling HJ, Langa F, Di Santo JP, and Eberl G: Lineage relationship analysis of ROR γ t⁺ Innate Lymphoid Cells. *Science*, 330(6004):



領域内研究者の紹介

芦田 浩 (東京医科歯科大学 大学院医歯学総合研究科)

PRIME第2期生に採択して頂きました東京医科歯科大学の芦田と申します。私は大学院生時代より、本研究開発総括の笹川先生の研究室で研究を進めてきました。2017年に現在の東京医科歯科大学に異動し、また幸運にも同時期にPRIMEに採択して頂き、新たな環境で研究をスタートしています。専門は「病原細菌の感染機構解明」です。病原細菌の病原因子と宿主標的因子の相互作用解析を分子レベルで解析し、その感染機構解明に取り組んでいます。



腸管病原菌による下痢症は年間数百万の人命を奪う人類の脅威です。現在は多剤耐性菌の出現や有効なワクチンが存在しないことが問題となっており、その対策として新規治療法の確立が不可欠となっています。一方、腸管病原菌の感染機構は次第に明らかにされつつあり、今後はこの基礎研究により得られた知見をワクチン・創薬開発へと応用することが期待されています。しかし、ワクチンや創薬開発には動物感染実験が不可欠ですが、動物感染モデルとして最適なマウスは腸管病原菌に対して抵抗性を示すため、経口投与では腸管感染が成立しません。そのため、マウス感染モデルの欠如は研究遂行上の大きな障害となっています。

そこで本研究課題では腸内細菌叢による感染防御能に注目し、腸内細菌と病原細菌の相互作用解析により、未だ確立されていない「マウス腸管感染モデル」の構築を目指します。同時に、腸内細菌による病原細菌感染防御機構を明らかにし、ワクチン開発や新規治療薬開発への応用を目指しています。現在は、動物感染実験室の施設整備や無菌マウス飼育設備の導入を進めており、少しずつですが成果を得られている段階です。確立したマウス感染モデルを用いて、腸管病原菌感染の*in vivo*病原性解析、ワクチン・創薬開発に応用できればと考えています。

本領域内には様々なバックグラウンドをもつ先生方がいらっしゃいますので、皆様と交流を深め、色々とお助言を頂ければと思います。もし私の専門分野で何か皆様のお力になれることがありましたらご相談下さい。それでは今後どうぞよろしくお願い致します。

領域内研究者の紹介

小幡 史明 (東京大学 大学院薬学系研究科)

研究室Webサイト

<https://www.obataf.com/>



この度はPRIME 2 期に採択して頂き、日本のトップサイエンティストが集まる本研究領域に参画できますことを大変光栄に思います。PRIME採択当時は英国に新しくできたフランスクリック研究所におりました。クリック研究所では、イギリス人研究者は2割程度で、大部分はヨーロッパ、アジア、アフリカなどの多様なバックグラウンドを持つ人たちでした。研究所目の前のKing's Cross/St. Pancras駅は、ロンドンにある5つの空港の全てに乗り換えなしで行けるうえ、ユーロスターでパリやブリュッセルに直結しているハブ駅です。Brexitに揺れるイギリスですが、サイエンスへの尊敬と自負を持ち、国際的リーダーとして国を挙げて注力しようという気概を肌で感じました。そのクリック研究所では、100程度のラボがあり、ショウジョウバエをメインにしているのが5つ、多かれ少なかれショウジョウバエをモデルとして取り入れるラボを合わせると10グループ程度、およそ1割がハエをモデルとした基礎研究を行っていることになります。

週に1回の所内Fly meetingに加え、月に1回、ロンドンの他大学などからもショウジョウバエ研究者が来てLondon Fly Meeting (LFM)を行っています。LFMは水曜日の夕方に行われ、ピザとビール(無料)を楽しみながら発表を聞くスタイルで、議論が白熱します。ここでの発表や雑談を通して、多くの友人が出来、またサイエンスに対する刺激をたくさんもらうことが出来ました。日本においても、このような場が増えると良いのではと思っています。

これまで、ショウジョウバエ遺伝学を使った分子生理学的な研究を、大学院博士課程から数えて10年ほど行ってきました。個体内外からの様々なストレスがある中で、組織恒常性がどのように維持され、それがどうなると破綻し老化するのか、に興味を持って研究を進めています。細菌叢はたまたま見つけた現象から始めたため、全くの無知ですが、領域の御専門の先生方に様々ご教示頂ければと思っております。また面白い現象や分子が見つかりましたら、哺乳類における一般性を検証していきたいと思っていますので、その際には共同研究などお願いしたく存じます。どうぞよろしくお願い致します。

領域内研究者の紹介

倉島 洋介 (千葉大学 大学院医学研究院)

研究室Webサイト

<http://www.m.chiba-u.jp/class/innovativemed/index.html>



平成29年度PRIMEに採択頂きました千葉大学の倉島洋介です。2016年に文科省の卓越研究員制度に採択頂き、2016年11月に東京大学医科学研究所から千葉大学大学院医学研究院に異動し、現在に至っております。研究室の立ち上げから、PIとして早3年目を迎えました。このような中で、PRIMEへ採択頂いたことは大変励みになり、総括の笹川先生、副総括の大野先生、本領域の諸先生方には心より感謝申し上げます。

私はこれまで粘膜免疫研究に従事し、恩師である清野宏先生と共に線維芽細胞などの支持細胞が及ぼす免疫細胞への影響や、支持細胞が形成する微小環境の変化による炎症の遷延化についての研究を進めて参りました。炎症の遷延化に関わる新規分子を見出だし、創薬につなげることが主要な研究テーマのひとつでした。しかしながら、腸管粘膜で繰り広げられる細胞間相互作用について解析し、マウスの腸管の構成細胞のプロファイリングを進めるうちに、どうしてもカテゴライズできない細胞群に遭遇しました。それが現在、解析を進めている「腸管神経系」の細胞群だったのです。腸管に存在する免疫細胞は全身の7割を占めることから「腸管は最大の免疫臓器」と言われていますが、同時に、脳をも凌駕する膨大な数の神経系細胞が存在し、「腸は第2の脳」とも呼ばれています。当初は、腸管神経系の細胞群の培養方法もわからず、見よう見まねで失敗を重ねては試薬メーカーや脳神経系の研究者に一から教を請うところからのスタートでした。これまでの研究生活で免疫細胞を主に扱ってきた私にとってはまさに試行錯誤の繰り返しでしたが、現在は培養系を確立し、刺激に応じた神経細胞の機能的変化も捉えることが可能になっています。

腸内細菌と対峙し共生環境を構築する場である腸管において、神経ネットワークが形成されるメカニズムとその生理的意義については、未解明な点が多く残されています。そこで私は、非常に壮大で挑戦的なテーマではありますが、「細菌叢—神経叢間相互作用による腸内環境維持機構の解明」をめざし、日夜奮闘しております。現在は、腸管神経叢の機能を時期特異的に制御できるモデルマウスを作製するとともに、どこでどのようにして菌叢の構成変化を神経叢がセンスするのかといった観点からの解析を進めています。これまで私が取り組んできた研究課題の中でもとりわけ難しく、どのような方向に研究が展開していくのか、私自身も楽しみにしております。そして、このような基礎的で地道な研究が、将来的には疾患の予防や治療につながる成果として実を結ぶことを目指しています。

駆け出しの研究室で研究メンバーもまだ少なく、ここから研究成果を発信できるのかと不安に思うことも多々ありますが、諸先生方のご指導とご支援に感謝しつつ、実りある研究成果を得るため、野心を持って一歩ずつ進んで参ります。引き続きご指導頂けますよう、よろしくお願い申し上げます。

サイトビジット報告

ニュースレターVol.1・2にも掲載されておりますが、研究開発進捗や今後の研究方針についての議論、意見交換を行う場として、笹川総括、大野副総括およびAMED担当者でサイトビジットを実施しています。年明けから春にかけて、以下の研究開発代表者の先生方を訪問しました。

2月20日 天谷先生、金井先生（慶應義塾大）

2月25日 坂本先生（理化学研究所）、岡本先生（物質・材料研究機構）

3月20日 榊原先生（慶應義塾大）、梶谷先生（東京工業大）

3月28日 倉島先生、松岡先生、後藤先生（千葉大）

4月12日 芦田先生（東京医科歯科大）、金先生（慶應義塾大）

5月10日 早河先生、小幡先生（東京大）

各先生方は、これまでの研究開発に関する発表の後、笹川総括や大野副総括と今後の研究開発の方向性や研究成果のアウトプットなど、課題遂行に向けた懸念点や疑問点をディスカッションされました。笹川総括や大野副総括からは、本研究領域参加は、様々な分野の先生方との相互交流・協力を行うチャンスであり、積極的にこの機会を生かしてほしいとお言葉がありました。

サイトビジットには、研究に参加されている若手研究者にもご出席いただき、意見交換も可能です。今後、月1回程度のペースで実施していく予定ですので、ご協力をお願い申し上げます。



写真1:
天谷先生（慶應大）のサイトビジットより



写真2:
金井先生（慶應大）
のサイトビジット
より

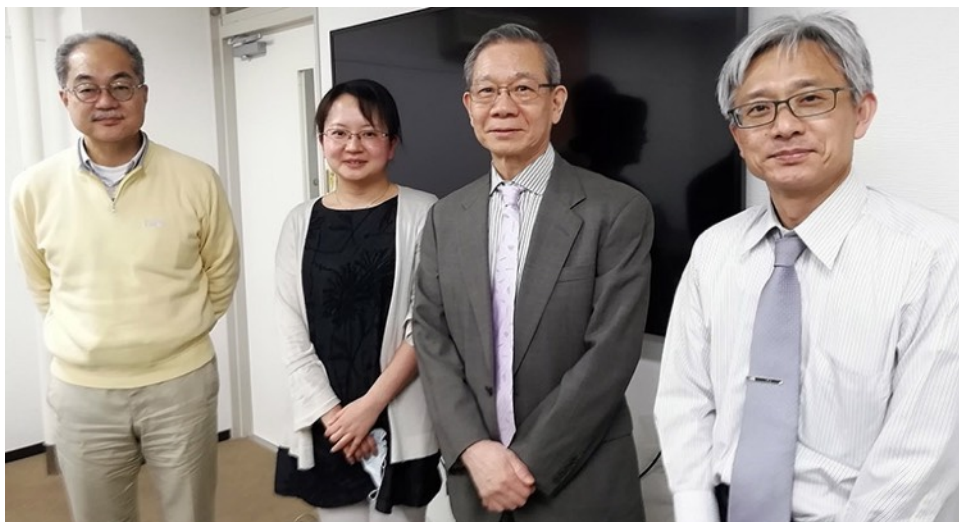


写真3:
松岡先生（千葉大）
のサイトビジット
より



写真4:
金先生（慶應大）の
サイトビジットより

領域内研究者の受賞・昇進・異動等について

平成30年度採択のPRIME研究者、平安先生が平成31年度科学技術分野の文部科学大臣表彰にて、若手科学者賞を受賞されましたので (http://www.mext.go.jp/b_menu/houdou/31/04/1415044.htm)、受賞についての原稿をご執筆いただきました。

平安 恒幸 (金沢大学 先進予防医学研究センター)

研究室Webサイト

<http://immunology.w3.kanazawa-u.ac.jp/index.html>



この度、平成31年度文部科学大臣表彰若手科学者賞を受賞いたしましたことを、ここに謹んでご報告申し上げます。PRIMEでご指導いただいております笹川千尋先生、大野博司先生、アドバイザーの先生方、そしてサポートしていただきました全ての方に深く御礼申し上げます。また、本賞に御推薦いただきました徳永勝士先生、荒瀬尚先生、華山力成先生に心より感謝申し上げます。

受賞業績名であります「白血球レセプター複合体と病原体との相互作用に関する研究」は、私が大学院生時代から継続して取り組んできた研究であります。白血球レセプター複合体とは、ヒト19番染色体長腕に位置する遺伝子領域のことであり、免疫レセプターであるLILRファミリー（13遺伝子座）やKIRファミリー（17遺伝子座）などの多重遺伝子ファミリーが多数コードされております。しかしながら、白血球レセプター複合体の機能については、これまで十分理解されておりました。そこで我々は、病原体に着目し、白血球レセプター複合体と相互作用するリガンド分子を網羅的に探索しましたところ、幸運にも活性化レセプターLILRA2および抑制化レセプターLILRB1のリガンド分子を同定することに成功しました。その結果、LILRA2が抗体から逃れた細菌を検知すること、LILRB1がマラリア原虫の分子を認識してマラリア原虫による免疫逃避機構に利用されることを明らかにすることができました。

このような研究背景から着想を得まして、「病原体が抑制化レセプターと相互作用して免疫から逃れるなら、宿主と共生する微生物叢も抑制化レセプターと相互作用して免疫を制御するのではないか」と考えて、新たな研究に取り組みました。この考え方は進化学における収斂進化からもヒントを得ております。これは異なった生物種が類似した環境に適応した結果、類似した形質を独立に進化させる現象のことです。つまり、病原体であろうが常在細菌であろうが宿主の免疫系と相互作用する環境に適応した結果、(次ページに続く)

領域内研究者の受賞・昇進・異動等について

抑制化レセプターを標的とする類似した進化を遂げるのではないかと考えました。このような進化の仕組みを信じて、病原体と抑制化レセプターとの相互作用を微生物叢にも当てはめてみたところ、特定の抑制化レセプターが一部の皮膚常在細菌と相互作用することを見出すことに成功しました。現在は本研究を発展させるべく、PRIME微生物叢領域で「免疫抑制化レセプターに着目した微生物叢と宿主の共生および疾患発症メカニズムの解明」に取り組んでいる次第であります。

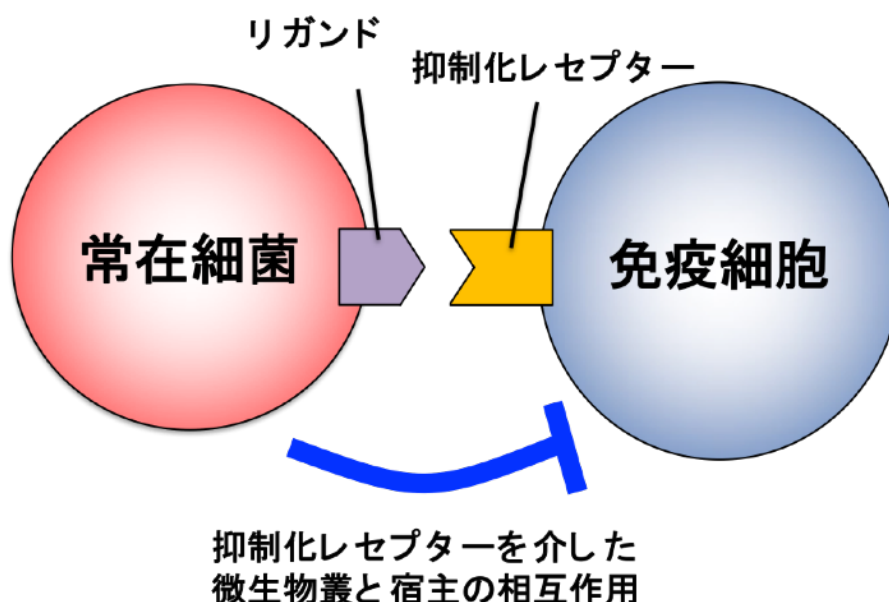
改めまして、これまで継続して行ってきました白血球レセプター複合体の多様性と機能に関する研究が評価されて、名誉ある賞を賜りましたことは誠に光栄に存じます。今後は、PRIMEにおきまして本研究を発展させて成果が出せるように努めてまいります。今後ともご指導、ご鞭撻を賜りますよう、よろしくお願い申し上げます。

平安恒幸

主要論文： Microbially cleaved immunoglobulins are sensed by the innate immune receptor LILRA2, *Nature Microbiology*, 1, 16054, 2016

Immune evasion of *Plasmodium falciparum* by RIFIN via inhibitory receptors, *Nature*, 552, 101–105, 2017

図 抑制化レセプターを介した微生物叢と宿主との相互作用モデル



領域内研究者の受賞・昇進・異動等について

Vol.2以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】

國澤 純 先生：国立医薬基盤・健康・栄養研究所ワクチン・アジュバント研究センター
ワクチンマテリアルプロジェクト プロジェクトリーダー
→ ワクチン・アジュバント研究センター センター長

木村 郁夫 先生：東京農工大学大学院農学研究院 特任准教授 → 准教授

小幡 史明 先生：東京大学大学院薬学研究科 助教 → 講師

玉木 秀幸 先生：産業技術総合研究所生物プロセス研究部門
生物資源情報基盤研究グループ主任研究員 → グループ長

【異動・昇進】

澤 新一郎 先生：北海道大学遺伝子病制御研究所感染病態分野 准教授
→ 九州大学生体防御医学研究所システム免疫学統合研究センター
粘膜防御学分野 教授

【所属機関名変更】

豊田 敦 先生：国立遺伝学研究所 生命情報研究センター → ゲノム・進化研究系

森 宙史 先生：国立遺伝学研究所 生命情報研究センター → 情報研究系

有田 正規 先生：国立遺伝学研究所 生命情報研究センター → 情報研究系

米島 靖記 先生：日東薬品工業 研究開発本部研究開発部菌・代謝物研究センター
課長 → 研究統括本部 NOSTERバイオ研究所
マイクロバイオームグループ 研究グループ長

「微生物叢」領域会議、成果発表会及び関連集会のご案内

本年度予定の領域会議等

- 11月28日(木) H28年度採択AMED-CREST研究開発課題 中間評価会
- 11月29日(金) H28年度採択PRIME研究開発課題 事後評価会
- 令和2年2月14日(金)～15日(土、午前) 令和元年度領域会議（大阪大学・銀杏会館にて）
- 令和2年4月または5月 PRIME研究担当者とアドバイザーによる研究討論会を計画中。
詳細はあらためてご連絡・相談申し上げます。

関連学術集会

- 第92回日本生化学会大会 公開シンポジウム「共生微生物叢研究の最前線」（AMED共催）
日時：9月20日(金) 9:00～11:00
開催場所：パシフィコ横浜 オーガナイザー：大野博司、豊田敦
発表者：豊田敦(遺伝研), 森宙史(遺伝研), 梶谷嶺(東工大), 岡本章玄(物材研), 金井隆典(慶大)

- The 8th Global Network Form on Infection and Immunity: Microbiome (AMED協賛または後援予定)

開催のご案内

笹川千尋

千葉大学真菌医学研究センターでは文科省の共同利用・共同研究拠点事業の一環として、毎年国際フォーラムを開催してまいりました。今回、第8回フォーラムでは微生物叢をテーマに選定し、国内外より微生物叢領域で活躍する研究者をお招きし、最新のトピックスをお話いただきます。本研究領域の動向を探り、研究のさらなる発展の手掛かりを得る機会を若手研究者に提供できればと願っております。

参加費は無料でございます。ポスター発表ではポスター賞、懇親会も用意しております。皆様のご参加をお待ちしております。

日時：令和2年1月10日(金、午後、ポスター発表60題予定)–11日(土、招待講演8題)

開催場所：千葉大学医学部附属病院、ガーネットホール（参加費無料）

オーガナイザー：米山光俊、後藤義幸、大野博司、松木隆広、笹川千尋

招待者：大野博司（理研）、佐々木伸雄（慶大）、松木隆広（ヤクルト）、本郷裕一（東工大）、Ivaylo Ivanov (Columbia University, US), Andreas Diefenbach (Charite University, Germany), Elaine Y. Hsiao (UCLA, US), Jakob von Moltke (University of Washington, US)

関連学会年会情報

イベント名	日程	開催場所	Conference site URL
第23回腸内細菌学会	2019年6月18日-19日	タワーホール船堀	https://bifidus-fund.jp/meeting/index.shtml
ASM Microbe 2019	20-24 June, 2019	Moscone Center, San Francisco, USA	https://www.asm.org/index.php/asm-microbe-2019
Cold Spring Harbor Meeting: Microbiome	18-21 July, 2019	Cold Spring Harbor Laboratory, New York, USA	https://meetings.cshl.edu/meetings.aspx?meet=BIOME&year=19
第92回日本生化学会大会	2019年9月18-20日	パシフィコ横浜	https://www2.aeplan.co.jp/jbs2019/
第48回日本免疫学会学術集会	2019年12月11-13日	アクトシティ浜松	http://icongroup.co.jp/48immunology/
The 8th Global Network Forum on Infection and Immunity: Microbiome	2020年1月10-11日	千葉大学医学部附属病院	http://www.pf.chiba-u.ac.jp/index.html

AMED-CREST/PRIME 微生物叢 News Letter Vol. 3

発行：2019年6月14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
ゲノム進化研究室 森宙史

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

E-mail：hmori@nig.ac.jp