

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. 4

November 2019



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
サイトビジット報告	12
共催シンポジウム開催報告	14
領域内研究者の受賞・昇進・異動等について	15
領域会議、成果発表会及び関連集会のご案内	15
共催する研究会について	16
関連学会年会情報	18

ニュースレターvol.4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）



本事業がスタートしてから早くも中間評価を受ける時期を迎え、私の手元にも既に評価資料が届いています。今回評価の対象は、AMED-CREST一期生の5課題（中間評価）とPRIME一期生の8課題（事後評価）になります。今回はAMED-CRESTの各課題の達成度と進捗状況について、またPRIMEは3年間の研究成果について、幾つかの観点により評価が行われます。評価結果は個々の課題担当者にフィードバックされますので、今後の研究の参考になれば幸いです。又評価結果は申すまでもなく本事業そのものに対する評価でもあります。従いまして、引き続き期末評価に向けてご協力をよろしくお願いいたします。

さて本事業の上半期の研究成果報告書を読ませていただき、本事業は当初の目標に向かって順調に推移していると感じました。例えば、本事業のAMED-CREST課題からこの3年間に国際的に注目される論文が、Natureをはじめとするトップジャーナル（その姉妹誌等）に発表できたことは、本事業はもとより、微生物叢領域の今後に大きな弾みとなることでしょう。又PRIMEの課題の中にも、ブレークスルーに繋がるような成果が出ていることも判り、今後に期待が高まります。

一方本事業の見える成果として、前回のNews Letterでも述べましたように、遺伝研の豊田先生、森先生らによる拠点事業活動があります。本年度も研究担当者から拠点に対して、共同研究、データ供託、データ解析の依頼等が多数持ち込まれ、それに伴い微生物叢の統合データベース化も年を追うごとに充実しております。特に日本人健常者の細菌叢のデータは、本事業の目玉でもあり、事業終了後を見据え微生物叢領域の発展およびその医療応用にも極めて重要ですので、今回PRIMEを終了される方々も含め、皆様には引き続き遺伝研の拠点にデータの供託をよろしくお願いいたします。

この3年間、領域内で異分野融合型の共同研究が多数生まれ、それらが微生物叢領域やそれに関連する領域へブレークスルーをもたらす原動力になっています。既存の概念を打ち破りパラダイムシフトを導き出せる研究成果は、私自身の経験を振り返るまでもなく、領域融合型の研究アプローチを通じて生まれる確率が高いことを今回の評価資料からも改めて実感しました。本事業のみならず国外も含めて、今後も異分野融合型の共同研究を積極的に行っていただきたいと思います。

さて本年も月平均一回程度サイトビジットを行いました。サイトビジットでは、発表資料の準備と当日の貴重なお時間をいただき、担当された研究開発代表者には心より感謝し

研究開発総括挨拶（前ページの続き）

ております。大学や研究機関に出向き研究の進捗を直に伺うことは私にとっても大変勉強になっております。また様々なご意見やご要望を直に伺うことができる貴重な機会でもあります。今後もサイトビジットに際しては、ご意見やご要望があればどうぞ遠慮なく相談下さい。

さて前回もご案内させていただきましたが、2020年1月10（金）、11日（土）に千葉大付属病院ガーネットホールで、マイクロバイームを主題として国際フォーラム（AMED共催）を開催いたします。本事業の研究開発副総括の大野博司先生と私も組織委員としてフォーラムの準備を進めています。また大野先生には講演もお願いしております。1月10日（金）午後にはポスター発表がありますので、研究室の若手をお誘いいただき振るってご参加いただければ幸いです。詳細はこのNews Letterでもご案内させていただきますので、事前登録もよろしくお願いいたします。

本事業の後半に向けて、各課題の代表者・分担者の方々の研究のさらなる発展を期待しております。又PRIME一期生の方々には、研究期間終了後も引き続き研究が進展し、その中から新規医療技術の開発につながる成果が出ることを心より期待しております。

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課題であり、今年度の支援実績は5課題です。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16課題（同一支援依頼者の複数課題を含む）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。倫理審査は申請後承認まで数ヶ月かかることもございますので、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、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

研究開発支援拠点について

格納し、支援依頼者と共有可能にすると共に、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を閲覧し、病気や年齢などでサンプルを検索できるサイトを構築しております。爆発的な勢いで増加するヒトマイクロバイオームデータの整理に追われ公開が遅れておりますが、「<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重点的に進めております。現時点では、日本人のマイクロバイオームデータは、DDBJから公開済みのデータを集めて整理しておりますが、今後、本領域から公開される日本人のマイクロバイオームデータについても、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、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および遺伝子機能組成の比較解析を森グループで現在行なっております。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・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

倉石 貴透（金沢大学 医薬保健研究域薬学系）

研究室Webサイト

<http://www.p.kanazawa-u.ac.jp/~seibutu/>



PRIME第2期生に採択して頂きました金沢大学薬学系の倉石と申します。錚々たる研究者の皆様と共に研究を進めさせていただけることを大変光栄に感じております。領域総括の笹川先生、副総括の大野先生をはじめ、アドバイザーの先生方には深く感謝申し上げます。今後ともどうぞよろしくお願い申し上げます。

腸内細菌は宿主のさまざまな生理機能を調節していますが、その分子機構はまだ充分にはわかっていません。各細菌はそれぞれに異なる多様な代謝産物を産生するため、低分子化合物を認識する受容体群が消化管内で細菌由来の分子を認識しているのではないかという作業仮説を立てて研究を進めています。

本仮説を検証するため、私たちはショウジョウバエを使って研究を行っています。ショウジョウバエにも腸内細菌がおり、一層の上皮細胞と、幹細胞や内分泌細胞から構成される消化管の基本的な構造も哺乳類とほぼ同じため、腸内細菌と宿主の相互作用メカニズムも類似している（と信じて）研究しています。ショウジョウバエを腸内細菌研究で活用するためには、腸内細菌がまったくいない「無菌ショウジョウバエ」を作成し、通常飼育のハエと比較することが重要となります。しかし、これまで世界中のどの研究室においても、完全に無菌のショウジョウバエを作出・維持することには成功していませんでした。慶應義塾大学医学部の本田賢也先生から「真に無菌のハエ」を作るべきとのご提案を頂いて取り組みはじめ、非常に時間がかかってしまいましたが、本田研究室在籍中に「無菌ショウジョウバエ」の作成方法を確立することができました。

無菌ハエは通常のハエを飼育するエサでは育たないなど、無菌ハエが作れた後も長期間維持にさまざまな困難がありました。慶應大学から金沢大学に無菌ハエと共に異動したものの、しばらくしたら無菌ハエが絶えてしまい、無菌化も慶應にいた時のようにいなくなりました。無菌ハエと共に私も絶えてしまうのかと焦りました。ようやく最近、細部を再検討して無菌化や維持の条件を整えて無菌ショウジョウバエを増やすことができ、維持手法を確かなものにすることができました。

現在は無菌ハエの特徴的な表現型の記載を行いつつ、低分子化合物受容体と腸内細菌代謝産物との相互作用の解析を、遅々とした歩みではございますが進めているところです。本領域の諸先生方からのご指導を賜りつつ、面白い研究を発信できればと考えております。今後とも何卒よろしくお願い申し上げます。

領域内研究者の紹介

田之上 大 (慶應義塾大学 医学部 微生物学・免疫学教室)

平成29年度にPRIME第2期生として採択頂き、本領域に参画させて頂いている慶應義塾大学の田之上 大と申します。

私は宿主生理機能に及ぼす腸内細菌種に興味を持ち研究を行っています。当時、大学院博士課程に進むに当たり炎症性腸疾患の発症機構について研究したく、大阪大学竹田潔先生の研究室の門を叩きました。そこで本田賢也先生、新幸二先生が進められていた宿主免疫系に影響する腸内細菌種の研究に幸運にも参画させて頂きました。その後、東京大学谷口維紹先生の研究室で学ぶ機会に恵まれ、さらには無菌アイソレーター施設が充実した理化学研究所および現在の慶應義塾大学 医学部 微生物学・免疫学教室でも宿主に作用する腸内細菌に興味を持ち研究に携わっています。先生方から研究のご指導を受けたこと、さらには、先般から本領域から研究支援を頂戴しておりますことはとても貴重な経験であります。心より御礼申し上げます。

本研究課題で着目している宿主免疫系とくにがん免疫応答に作用する腸内細菌種については、その重要性が2013年ごろから報告され始め、昨年初頭には異なる3つの研究グループが免疫チェックポイント阻害療法の奏効に腸内細菌叢が関与することをScience誌に報告しました。本研究課題では腸管免疫系ならびに腫瘍部がん免疫応答を活性化する特定の腸内細菌株を題材にし、その発序機構について、とくに抗原性の視点から研究を進めております。いまのところ両者の免疫応答発序には異なる機構が介在することを示唆する結果が得られていますが、まだ検討が不十分な点もあるため、今後も本領域の先生方からご助言を頂きながら研究を進め、腸内細菌の理解や医療に少しでも役に立つ成果を目指して努力していきたいと考えています。とくにシングルセルシーケンスなど新しい研究手技を用いてこの課題に取り組んで行きたいのですが、なにぶん経験がなく未熟であるため、皆様からアドバイスを頂ければと思っております。

今後ともどうぞ宜しくお願い申し上げます。



領域内研究者の紹介

中島 沙恵子（京都大学 大学院医学研究科・皮膚科）

PRIME第2期生に採択していただきました京都大学皮膚科の中島沙恵子です。私は、もともと皮膚科医で、臨床の専門領域はアトピー性皮膚炎と蕁麻疹です。現在は週に2回、大学の専門外来で患者さんを診察しています。研究の専門領域は、皮膚アレルギー・免疫になります。



これまで、大学院・ポスドクと前教授の宮地良樹先生、本領域アドバイザーである栴島健治先生にご指導いただき、皮膚アレルギー・免疫に関する研究を主にマウスを用いて行って参りました。これらの研究を進める中で、皮膚免疫細胞と密接に関わっている可能性が様々な側面から指摘されている皮膚マイクロバイオーームに興味を持ち、2015年より米国国立衛生研究所（National Institutes of Health）のYasmine Belkaid先生の研究室に留学しました。Belkaid研究室は、尋常性乾癬の病態において皮膚常在真菌の果たす役割を乾癬モデルマウスを用いて解析しておりました。2017年に帰国し、自身でも皮膚マイクロバイオーームに関する研究を始めたいと考えていた矢先に、幸運にも本PRIMEに採択していただき、炎症性皮膚疾患と皮膚マイクロバイオーームとの関わりをヒトとマウスの双方向からアプローチすべく研究を進めています。

当初は大学院生の岩田さんと2名で研究を開始しました。京都大学皮膚科では、マイクロバイオーーム研究を行なっている人はおりませんでしたので、右も左もわからない中、周りの皆様にご助言やご協力をいただき、実験系の立ち上げを含め少しずつ進めて参りました。2019年4月からは新たに中国新疆ウイグル自治区出身のポスドク・ドルナさんも研究グループに参加し、賑やかに研究を進めております。

現時点で得られております研究結果は、ほとんどがマウスを用いた研究によるものですが、残りの研究期間でヒト検体に関する研究結果の解析を進めて参りたいと考えております。幸い、皮膚は数ある臓器の中でも大変アクセスしやすい臓器ですので、引き続き積極的に検体を採取し解析を行っていきたいです。最終的には、皮膚微生物叢を起点とした新規治療ターゲットの創出に繋がるような研究成果を得ることを目標に引き続き精進して参りたいと思います。

もともとが臨床医ですので、基礎的な研究の部分はスペシャリストの先生方にご教授いただかなければならないことばかりではありますが、お力をお借りして少しずつ研究を進めて参りたいと思います。また逆に、本領域の先生方で、皮膚疾患についてご興味がお有りの場合やお困りのことがお有りでしたら、何かご協力できるかもしれませんので、ぜひお声掛けいただければと思います。今後とも引き続きご指導ご鞭撻のほど、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

早河 翼（東京大学 消化器内科）

研究グループホームページ

<http://utgastro425-gibasic.com/index.html>



2017年度PRIMEに採択頂きました東京大学消化器内科の早河翼と申します。私は消化器内科医として研修を修了した後、2012年～2015年まで米国コロンビア大学に研究留学し、2015年11月より東京大学消化器内科に助教として復職し現在に至っております。帰国後は臨床業務にも携わりながら、数名の大学院生とともに自身の研究グループを立ち上げて参りました。そうした中PRIMEへ採択頂きまして、研究を開始・継続していく上で大変大きな助けとなっております。同時に、高額予算をいただいている研究グループの長として、責任も感じているところです。総括の笹川先生、副総括の大野先生、ならびにご関係者の皆様に、心より感謝を申し上げます。

私は研究留学前の大学院時代に、現横浜市立大教授の前田慎先生、現東大医科研准教授の平田喜裕先生にご指導を賜り、以後マウスモデルを用いた消化管における炎症・発癌の研究を行っております。その中でも、胃の幹細胞と周囲微小環境と発癌との関わりについて重点的に研究を重ねてきました。胃炎・胃癌の発生に重要な細菌といえ言わずと知れた*H.pylori*ではありますが、私どもも*H.pylori*特にcagPAI依存的な細胞内シグナル伝達経路の重要性についてin vivo/in vitroの検討を行ってきた実績があります。しかし、国内における*H.pylori*感染率の低下および*H.pylori*除菌療法の普及により、近い将来*H.pylori*感染症は過去のものとなることが予想されます。

では、将来的に胃癌はなくなるのでしょうか？個人的な予想にすぎませんが、胃癌は今後減少傾向を続けるものの、完全になくなることはないと考えます。その理由としては、①*H.pylori*除菌後患者にも、一定頻度の確率で胃癌が発生する、②*H.pylori*陰性胃癌が増加する可能性がある、などがあげられます。①については、我々の疫学研究でも高度の萎縮性胃炎・腸上皮化生が除菌後胃癌の明確な危険因子であることが示されており、今後も特に除菌後高齢者層に一定の割合で胃癌が発生すると思われます。②については、*H.pylori*感染率の低い米国において、近年若年者の未分化癌や、食道胃接合部癌の増加が認められており、将来的にわが国でも同様の現象が見られる可能性があります。そしてこのような*H.pylori*非依存的な胃発癌のメカニズムとして、胃内細菌叢の関与が近年注目されてきました。もともと健常な胃内には数少ない細菌しか生息できないと考えられていますが、特に萎縮や腸上皮化生の進行した症例や、胃酸分泌抑制剤を投与中の症例では、これまで考えられてきた以上の胃内細菌が検出できることが分かりました。

そこで私はこれまでの研究に用いてきたマウス胃炎・胃癌モデルと、普段より臨床で遭遇しているヒト胃炎・胃癌症例の内視鏡サンプルを用いて、網羅的な細菌叢解析とそれによる免疫応答の変化、胃炎・胃癌の進行度への影響を検討することを提案し、幸運にも

領域内研究者の紹介

PRIMEに採択していただくこととなりました。もともとが細菌叢解析や粘膜免疫の専門家ではございませんので、研究遂行にあたり多くの方々のご助言、ご指導をいただきながら、少しずつ成果が見え始めてきたところです。ここ数年でNGSや単一細胞解析など、多くの新しい解析手法が次々と開発されていますが、高額のご支援をいただいているおかげで、最新の解析を実験に取り入れることができいております。これまでのご支援への感謝を形にすべく、残りの期間内になるべく多くの成果を公にできるよう、今後とも努力してまいります。

領域内研究者の紹介

松岡 悠美（千葉大学 皮膚科学）



PRIME第2期生に採択して頂きました、千葉大学の松岡悠美と申します。私はミシガン大学Gabriel Nunez先生の研究室留学時より、アトピー性皮膚炎における黄色ブドウ球菌の役割を研究して参りました。2013年に現在の千葉大学に帰り、2017年、幸運にもPRIMEに採択して頂き、「皮膚で黄色ブドウ球菌が生着に不利な変異を特定の遺伝子領域に獲得するメカニズム」を解析しております。黄色ブドウ球菌は健常成人皮膚ではほとんど検出されない一方で、アトピー性皮膚炎の病変部には9割以上の確率で生着していることが知られています。また近年では、健常人に皮膚～皮下膿瘍を来す、市中感染型MRSAが臨床の場でも問題になっております。これまで我々の研究グループは、皮膚炎を起こす黄色ブドウ球菌由来の病原因子の同定と、免疫系を介したメカニズムの解析を中心に研究を行ってきましたが、ヒト検体を用いた研究をさらに行ったところ、これらの病原因子の発現をコントロールする特定の遺伝子領域に変異が入ることが、健常皮膚からの黄色ブドウ球菌の排除に重要であることが明らかになりました。そこで本研究課題では皮膚細菌叢と病原微生物である黄色ブドウ球菌がどの様に相互作用し、皮膚からの病原微生物排除を行うのかをアトピー性皮膚炎モデルを中心に解析します。現在までに、in vitro実験から、黄色ブドウ球菌の皮膚からの排除を決定づける、変異獲得を人為的に制御する方法を見いだしています。また、確立したマウスモデルを用いて、正常細菌叢と黄色ブドウ球菌の相互作用を解析するとともに、ヒトコホート研究でのサンプリングを行っております。これらの研究から一定の成果が得られれば、アトピー性皮膚炎のみならず、市中感染型MRSAの感染症克服の基盤になりうる新規発症予防法や治療薬開発への応用につながると考えています。

本領域内では皮膚を解析している研究者は少なく、異分野の先生、アドバイザーの先生から、普段学内ではなかなか得られないような、貴重なご意見を賜り、大変勉強させていただいております。今後どうぞよろしくお願い致します。

サイトビジット報告

ニュースレターVol.1・2・3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担当でサイトビジットを実施しています。夏から秋にかけて、以下の研究開発代表者の先生方を訪問しました。

7月22日 澤先生（九州大）

9月13日 藤坂先生（富山大）

10月4日 中島先生、福田先生（京都大）

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の言葉がありました。

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。今後も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: 澤先生（九州大）の
サイトビジットより

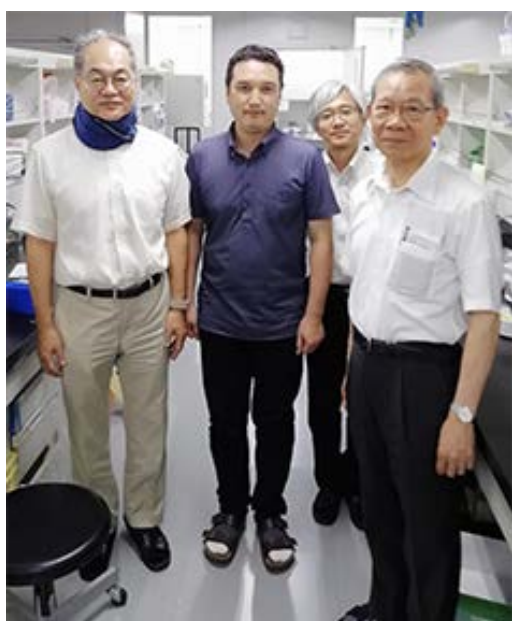


写真2: 藤坂先生（富山大）のサイトビジットより



サイトビジット報告

写真3: 中島先生（京都大）のサイトビジットより

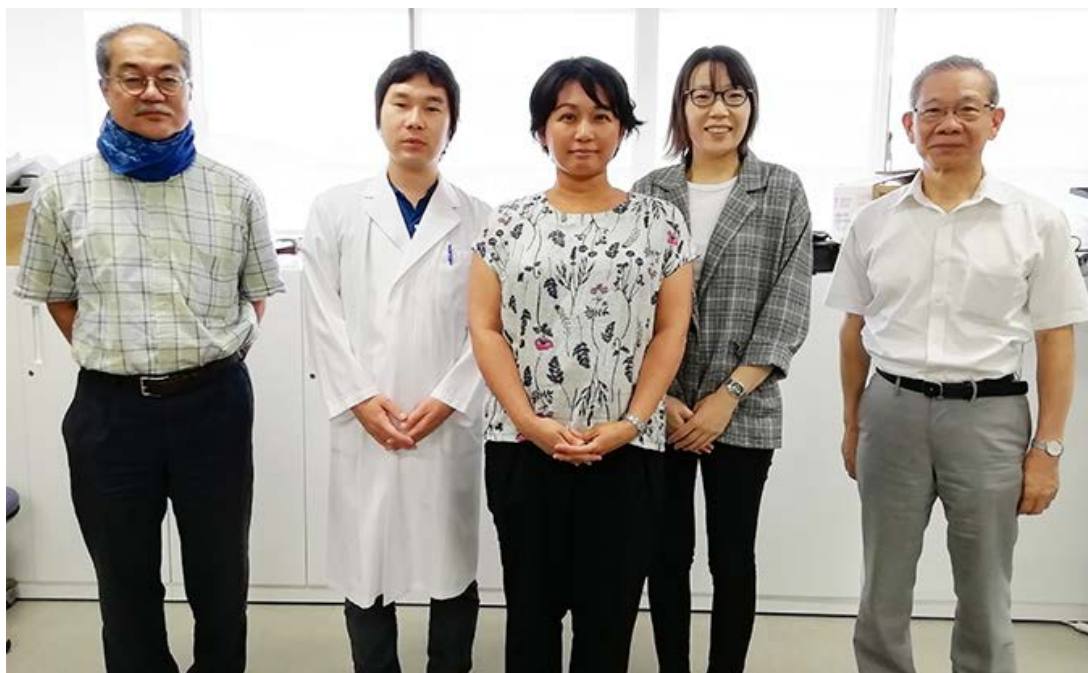


写真4: 福田先生（京都大）のサイトビジットより



去る9月20日、第92回日本生化学会大会3日目の午前に、「共生微生物叢研究の最前線」というタイトルで、本「微生物叢」AMED-CREST、PRIMEが共催するシンポジウムを行いました。本領域の支援拠点課題の研究代表者でもある国立遺伝学研究所・豊田敦先生と私がオーガナイザーを務め、演者としてはマイクロバイーム研究の基盤となる研究手法について3題、実際の具体的な研究紹介として基礎・応用から1題ずつの計5題ということで、オーガナイザーでもある豊田先生、ソロタイプの研究代表者である東京工業大学・梶谷嶺先生、豊田グループの研究分担者である国立遺伝学研究所・森宙史先生、ソロタイプの研究代表者である物質・材料研究機構・岡本章玄先生、ユニットタイプの研究代表者である慶應義塾大学・金井隆典先生に発表して頂きました。

イントロとして私からマイクロバイーム研究の海外の動向や本領域の紹介のあと、各演者の講演に移りました。それぞれの講演内容は以下の通りです。

豊田先生：領域でのモックの作成やDNA抽出法の比較の進捗も含めた、ヒトマイクロバイーム研究の手法などについて

梶谷先生：メタゲノムのアセンブリ法の先鋭化とそれによる新種のゲノムや遺伝子の探索について

森先生：メタゲノム解析のバイオインフォマティクスの最近の進展と統合データベースについて

岡本先生：主として口腔内細菌叢を中心に、細菌間における細胞外電子移動のメカニズムとその生物学的意義について

金井先生：炎症性腸疾患と合併症としての原発性硬化性胆管炎における腸内細菌の発症への役割について

今後も機会があれば、このような形で領域の研究活動を積極的に紹介する場を設けていきたいと考えていますので、その際にはご協力をよろしくお願い致します。

領域内研究者の受賞・昇進・異動等について

Vol.3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】

木村 郁夫 先生：東京農工大学大学院農学研究院 准教授 → 教授

福田 真嗣 先生：慶應義塾大学先端生命科学研究所

政策・メディア研究科 特任准教授 → 特任教授

岡本 章玄 先生：物質・材料研究機構国際ナノアーキテクトニクス研究拠点

主任研究員 → 主幹研究員

「微生物叢」領域会議、成果発表会のご案内

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）

次年度予定の領域会議等

○令和2年5月29日(金)～30日(土、午前) 令和2年度PRIME会議（実施場所選定中）

詳細はあらためてご連絡申し上げます。

共催する研究会について

The 8th Global Network Form on Infection and Immunity: Microbiome 開催のご案内

千葉大学真菌医学研究センター 笹川千尋

当センターでは毎年一回、病原微生物・微生物叢・感染症・免疫分野の最先端で活躍されている国内外の著名な先生を千葉大にお招きして、「感染症・免疫グローバルネットワークフォーラム」を開催させていただいております。

今回は第8回目を迎え、千葉大附属病院ガーネットホールでポスター発表と招待講演を行います。2020年1月10日（金）午後はポスター発表を予定いたします。ポスターセッションでは、微生物叢とともに、感染症全般の基礎・臨床研究、病原微生物の感染機構と免疫応答、真菌感染症、薬剤耐性等、幅広いテーマの発表と討論を予定しています。ポスター発表の翌日、1月11日（土）は午前と午後に招待講演（次ページ）がございます。

ご多忙とは存じますが、教室の若い方をお誘いいただき、ポスター発表にご参加下さるようお願いいたします。参加費は無料でございます。

ポスター発表者には、千葉市内にご発表当日夜の宿泊を用意させていただきます（宿泊についてはあらためてご連絡させていただきます）。また優秀ポスター賞も複数用意いたしますので、ご参加いただければ幸いです。尚1月10日17:00より、海外招待者を交え懇親会（無料）も予定しております。

どうぞよろしくお願いいたします。

連絡先：千葉大真菌医学研究センター

「第8回感染症・免疫グローバルネットワークフォーラム」事務局 佐藤千尋

(vab5903@office.chiba-u.jp 043-226-2495)

参加申し込み締め切り： 11月10日

参加申し込みフォーム： <http://www.pf.chiba-u.ac.jp/documents/FY2019/RegistrationForm2.docx>

The 8th Global Network Forum on Infection and Immunity

2020.1.10 (Fri) ポスターセッションスケジュール

時間		会場	プログラム
13:00～14:30	90分	セミナー室3 前廊下	受付・ポスター発表準備
14:30～15:30	60分	セミナー室3	ポスターセッション 【前半：奇数グループ】
15:30～16:30	60分		ポスターセッション 【前半：偶数グループ】
17:00～18:30	90分	職員食堂	懇親会 & ポスター賞授賞式 【開会の挨拶：笹川センター長】

The 8th Global Network Forum on Infection and Immunity : Microbiome

Free to participate

Poster Session

Jan. 10, 2020

Seminar Room, Chiba University Hospital

Oral Presentation

Jan. 11, 2020

Garnet Hall, Chiba University Hospital

<Program (Jan. 11)>

9:50~9:55 Opening Remarks: **Hiroshi Ohno** (RIKEN, Japan)

9:55~10:00 President's address: **Takeshi Tokuhi** (President of Chiba University)

10:00~10:40 **Elaine Y. Hsiao** (UCLA, USA)
"Host-microbiome interactions through the gut serotonergic system"

10:40~11:20 **Hiroshi Ohno** (RIKEN, Japan)
"Gut microbiota and autoimmune diseases"

11:20~12:00 **Noah Palm** (Yale University, USA)
"Illuminating the 'dark matter' of the bioactive microbiota metabolome "

Lunch break

13:30~14:10 **Andreas Diefenbach** (Charite University, Germany)
"Role of the innate immune system in adaptation of vertebrates to their environment"

14:10~14:50 **Jakob von Moltke** (University of Washington, USA)
"Intestinal Tuft Cells: Sentinels and Effectors of the Type 2 Immune Response"

14:50~15:30 **Nobuo Sasaki** (Keio University, Japan)
"The study of epithelial crosstalk at the host-microbes interface using organoid"

Coffee break

15:50~16:30 **Yuichi Hongoh** (Tokyo Institute of Technology, Japan)
"Multi-layered symbiotic system in the termite gut"

16:30~17:10 **Takahiro Matsuki** (Yakult Central Institute, Japan)
"Key genetic factors for human milk oligosaccharides utilization affect infant gut microbiota development"

17:10~17:15 Closing Remarks: **Chihiro Sasakawa** (Chiba University)

<Organizing Committee>

Hiroshi Ohno (RIKEN)

Chihiro Sasakawa (Chiba University)

Takahiro Matsuki (Yakult Central Institute, Basic Research Department)

Yoshiyuki Goto (Chiba University)

Mitsutoshi Yoneyama (Chiba University)

<Contact>

Medical Mycology Research Center,
Chiba University

TEL : 043-226-2495 (Ex.5904)

FAX : 043-226-2486

E-mail : vab5903@office.chiba-u.jp

H P : <http://www.pf.chiba-u.ac.jp/>



関連学会年会情報

イベント名	日程	開催場所	Conference site URL
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/joint/forum.html
第93回日本細菌学会 総会	2020年2月19- 21日	ウインク あいち	https:// www2.aeplan.co.jp/ jsb2020/index.html
第14回日本ゲノム微生物 学会年会	2020年3月6-8 日	ウインク あいち	https://www.sgmj.org/ sgmj2020/
日本農芸化学会2020年 度大会	2020年3月25- 28日	九州大学伊都 キャンパス	http://www.jsbba.or.jp/ 2020/
The International Human Microbiome Consortium Conference 2020	2020年6月28- 30日	C C I B , Barcelona, Spain	https:// www.ihmc2020.com/

AMED-CREST/PRIME 微生物叢 News Letter Vol. 4

発行：2019年11月8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