



日本マイクロバイオームコンソーシアムと産総研、マイクロバイオーム研究の連携を開始 ーマイクロバイオーム分析法の標準化に向けてー

平成 30 年 6 月 7 日

一般社団法人 日本マイクロバイオームコンソーシアム

国立研究開発法人 産業技術総合研究所

■ 概要 ■

一般社団法人 日本マイクロバイオームコンソーシアム【代表理事 竹中 登一】(以下「JMBC」という)と国立研究開発法人 産業技術総合研究所【理事長 中鉢 良治】(以下「産総研」という)は、マイクロバイオーム関連産業におけるわが国の産業競争力強化に重要な役割を果たすことを共通の目的として、ヒトマイクロバイオーム分析法の標準化を両者の連携により加速していくことに合意しました。これに伴い、平成 30 年 6 月 7 日に連携協力に関する覚書を締結しました。標準化された分析法に基づいた健常人マイクロバイオームデータベースの構築を目標に、今後両者の共同研究で、推奨分析プロトコルの作成や分析用標準物質の開発に取り組んでいきます。

_____は【用語の説明】参照

■ 背景 ■

多種類の微生物種で構成されるマイクロバイオームは、地球環境の保全から人の健康に至るさまざまな場面で重要な役割を担っています。とりわけ、ヒトの腸内マイクロバイオームのように人と直接接触するヒトマイクロバイオームは、医薬品分野での応用としてさまざまな疾患の診断用マーカーや創薬ターゲットとして注目を集めるのみならず、食などを通じた健康維持や疾患予防、衛生管理や美容との関係性が示されています。このような背景から、マイクロバイオームに関わる新たな産業分野の創出が期待されています。また、マイクロバイオームの解析では、次世代シーケンサーを利用して解析したマイクロバイオームの遺伝子情報に基づいて、マイクロバイオームを構成する微生物の種類と量を計測することが出発点となります。一方で、その解析結果の再現性・信頼性や研究・検査機関間のデータの比較互換性の乏しさも懸念されており、解析結果の精度管理やデータベース化を進めるために、一連の分析プロトコルの標準化などの取り組みが各国で始まっています。わが国においても、JMBC が設立され、産業界が主体となって分析法の標準化が検討されています(注 1)。産総研では、バイオテクノロジー分野での計測の信頼性を向上させるために核酸の標準物質を開発しており、次世代シーケンサーなどによるトランスクリプトーム解析の精度管理用 RNA 認証標準物質を開発、頒布してきました。また、マイクロバイオーム解析の精度管理用核酸標準物質や、その標準物質を用いた精度管理技術の開発にも取り組んでいます(注 2)。

今回、JMBC と産総研は、それぞれの強みを生かし、マイクロバイオー姆関連産業におけるわが国の産業競争力強化を目的に、マイクロバイオー姆分析法の標準化を両者の連携により加速していくことに合意しました。これに伴い、平成 30 年 6 月 7 日に連携に係る覚書を締結しました。マイクロバイオー姆に関する計測の基盤技術開発から標準化、実用化まで一貫した研究を加速し、わが国の産業競争力のさらなる強化に寄与します。

■ 研究の内容 ■

1. 「推奨分析プロトコルの作成」

16S rRNA 遺伝子アンプリコン解析、メタゲノム解析、メタボローム解析など、さまざまなマイクロバイオー姆測定方法がありますが、いずれの方法でも分析法が機関などによって異なり、その解析結果の比較互換性の乏しさが大きな課題となっています。今回の連携では、ヒト糞便(モデルマウス糞便を含む)、口腔、皮膚マイクロバイオー姆を想定し、国内産業が実施でき、計測結果の比較互換性が担保できる 16S rRNA 遺伝子アンプリコン解析、ショットガンメタゲノム解析、メタボローム解析に関わる標準的な分析プロトコルを整備します。また、今後整備が求められるであろう、マイクロバイオー姆関連ビックデータについての比較互換性の担保に貢献します。

2. 「分析用標準物質の開発」

上記マイクロバイオー姆計測では、その結果の信頼性を担保するための標準物質の整備が不可欠です。今回の連携では、国内産業界が求める用途や仕様に基づき、マイクロバイオー姆計測(16S rRNA 遺伝子アンプリコン解析、ショットガンメタゲノム解析、メタボローム解析)用の、標準物質を開発・整備します。この取り組みにより、今後整備が求められるマイクロバイオー姆関連ビックデータの品質保証や、検査機関のマイクロバイオー姆計測の質を保証する方法を確立することにより、さらなるマイクロバイオー姆産業の拡大が期待されます。

(注 1) JMBC は、国内の製薬、食品、化粧品、検査会社など 30 社以上が参画する一般社団法人です。マイクロバイオー姆の産業応用に向けて、疾患におけるマイクロバイオー姆を知るため健常人のコホート研究が必要であり、産業界が一体となるコンソーシアムが必須との理解のもと、2017 年 4 月に設立。マイクロバイオー姆産業の基盤となる健常人マイクロバイオー姆のデータベース構築やマイクロバイオー姆研究の普及・促進を進めています。

※JMBC ホームページ：<http://www.jmbc.life/index.html>

(注 2) 産総研は、マイクロバイオー姆解析の精度管理のための人工核酸標準物質を開発、開発した精度管理用標準物質などを利用した精度管理技術を、医療、食品、環境分野など実際のマイクロバイオー姆解析に広く適用し、信頼性の確立を目指して研究を進めています。

※2016 年 12 月 14 日産総研プレスリリース：

http://www.aist.go.jp/aist_j/press_release/pr2016/pr20161214/pr20161214.html

【用語の説明】

◆マイクロバイオーーム(複合微生物相)

特定の環境中に存在する微生物群や、そのゲノム、あるいはそれらの持つ遺伝子の集合体を指す。ヒト腸内マイクロバイオーームや土壌マイクロバイオーームなどがある。

◆次世代シーケンサー

従来のシーケンサーとは異なり、一度に読み取れる塩基配列の長さが 50~500 塩基(従来法では約 800 塩基)と短いものの、高度並列処理により 1 回の解析で数千万~数十億塩基対の塩基配列情報が得られるシーケンサー。

◆トランスクリプトーム解析

細胞内の全転写産物(全 RNA)をトランスクリプトームと呼び、次世代シーケンサーなどを利用し転写産物それぞれの発現量を解析することをトランスクリプトーム解析と呼ばれる。

◆16S rRNA 遺伝子アンプリコン解析

原核微生物群の代表的分子系統マーカー遺伝子である 16S rRNA 遺伝子を分子生物学的技術により増幅し、次世代シーケンサーでその増幅産物(アンプリコン)の塩基配列を読み取ること。

◆メタゲノム解析

マイクロバイオーーム中の DNA をすべて抽出、回収し、これらの塩基配列を網羅的に解読して得られるマイクロバイオーームのゲノム情報の集合体。マイクロバイオーーム中のゲノムを網羅的に解読することをメタゲノム解析と呼ぶ。

◆メタボローム解析

マイクロバイオーームが産出する代謝産物、とりわけ低分子代謝産物をメタボロームと呼び、網羅的にそれぞれの代謝産物を解析することをメタボローム解析と呼ばれる。

◆コホート研究

定められたヒトの集団を対象(対象集団:コホート)として一定期間追跡し、特定の要因の有無(本件の場合、マイクロバイオーームの構成など)が疾患などに関係しているかを調査する観察的研究のこと。