

2016年度 湘南藤沢学会「研究助成基金」成果報告書 微生物叢の解析手法の統一化に向けた取り組み

慶應義塾大大学院 政策・メディア研究科 1年
渡部翔

1. 活動日程・会場

活動日程：2017年1月4日～2017年2月4日

会場：Harvard School of Public Health, Boston

2. 活動の目的

本研究は、MetaSUB (Metagenomics and Metadesign of Subways and Urban Biomes; <http://www.metasub.org>) プロジェクトの一環として実施された。MetaSUBプロジェクトとは、公共交通機関などの都市環境に存在する微生物叢(全ての微生物の集合体)を明らかにし、微生物の多様性や感染予防の観点から都市デザインを考えなおし、健康に良い都市環境を構築することを目的としている。現在では、世界の各都市の公共交通機関において微生物解析が進められている。しかし、日本の公共交通機関における微生物叢の研究は実施されていないため、我々は、日本の都市環境の微生物叢解析を行うMetaSUB Japanプロジェクトを立ち上げた。本研究では、SFC先端生命科学研究会が得意とするバイオインフォマティクスと微生物叢解析の技術を用いて、日本の都市環境の微生物叢のベースラインを作成するとともに、潜在的な病原性微生物を監視することを目的とする。現在までに、分析手法の統一化を目的として、申請者はコーネル大学に赴き微生物DNA配列の決定とそのデータ解析手法を学んできた。2015年7月には、コーネル大学よりニューヨークの地下鉄の微生物叢に関する論文が報告され、それに続き、2016年6月にハーバード大学よりボストンの地下鉄の微生物叢に関する論文が掲載された。これを受け申請者は、解析手法の統一を目的としてハーバード大学に赴き、解析手法を習得することを目的とした。

3. 活動の成果

ハーバード大学にて、DNA 抽出および配列解析に向けたライブラリの調製手法を習得した。ハーバード大学では、以前彼らが掲載した論文と同一の手法を学ぶことができ、DNA 抽出およびライブラリ調製は問題なく行われたことが確認された。ライブラリ調製とは、次世代シーケンサーを用いて DNA の塩基配列を解読するため、DNA を短く切断し、それぞれのサンプルにラベリング等を行なう工程である。この段階において各国での手法の相違が見受けられたが、この違いがシーケンス結果に及ぼしている影響は未だに明らかとなっていない。また、申請者は滞在中、MetaSUB コンソーシアムの定例会議に出席し、ハーバード大学に訪れていること、およびその目的をコンソーシアムに報告した。さらに、申請者は帰国後、日本の都市環境において採取したサンプルを対象に、DNA 抽出、配列解析に向けたライブラリの調製、および次世代シーケンサーを用いた DNA 塩基配列の解読を実施した。

4. 展望

本プロジェクトで日本の都市環境微生物群の解析がなされることにより、世界主要都市の微生物群の分布が明らかになる。本プロジェクトで得られた微生物叢データに基づいて、新たな都市構造、都市デザイン、およびメンテナンスの提案ができると考えている。そのため、まずは得られた塩基配列情報を基に日本の都市環境における微生物群の特徴を明らかにする必要がある。さらに世界各国との比較も実施することで、本研究の最終目標に繋げたい。前回のコーネル大学への訪問と今回のハーバード大学への訪問により、2 ヶ国での実験手法を習得できた。現在は、日本の都市環境における微生物叢の解析を行っており、今後は、同一のサンプルに対して、各研究所の実験手法を用いて DNA 配列を解読することで、実験手法による違いを明らかにし、最適な実験手法を全世界に提供したいと考えている。

謝辞

「微生物叢の解析手法の統一化に向けた取り組み」の実施にあたり、資金面でご協力をいただきました湘南藤沢学会に厚く御礼申し上げます。