日本マイクロバイオームコンソーシアム
設立記念シンポジウム

「産学官が一体となったマイクロバイオーム研究の健康医療応用に向けて」

開催趣旨：

健康や疾患との関わりが明確となったヒトマイクロバイオームの研究は，医薬品・食品・化粧品・検査等の多岐に渡る革新的製品やサービスの創出といった健康医療への応用につながるとの期待が高まっています。一方で，マイクロバイオームは民族や地域による違いが顕著であるため，産業応用に向けてはその点を考慮したデータ基盤づくりが重要となります。

本年4月に設立された一般社団法人日本マイクロバイオームコンソーシアム（JMBC）ではヒトマイクロバイオーム研究成果の産業視点による健康医療への迅速な応用を目指しています。我が国独自の健常人データベースの構築は、民族性・地域性を踏まえた健常なヒトマイクロバイオームを定義することを可能とし、健康医療に関連する新たな製品やサービスの創出を加速することができると考えています。

本研究領域の産業応用への大きな期待を起点に，基盤となる健常人データベース構築に向けた産学官の連携体制の推進を加速するべく，国内の最先端の研究者を招へいし，本シンポジウムを企画しました。

日　時： 2017年7月28日（金） **シンポジウム：** 12:50～、**交流会：** 17:50～20:00
会　場： THE GRAND HALL 品川 （http://tg-hall.com/）
参加料： ＜一 般＞シンポジウム 3,000円、 交流会 3,000円（事前申し込み 2,500円）
＜官・学＞シンポジウム 無　料、 交流会 3,000円（事前申し込み 2,500円）
申込み： http://www.urban-ii.or.jp/events/detail.php?event_id=230

プログラム

12:50～13:00（10分）
開会挨拶
竹中登一（JMBC　代表理事）

13:00～13:25（各5分）
来賓挨拶
上村昌博 様（経済産業省　商務情報政策局　生物化学産業課　課長）
板倉康洋 様（文部科学省　研究振興局担当　審議官）
浅沼一成 様（厚生労働省　大臣官房厚生科学課　課長）
菱沼義久 様（農林水産省　農林水産技術会議事務局　研究総務官）
松原謙一 様（大阪大学　名誉教授）

13:25～13:30（5分）
「シンポジウムプログラムの紹介」
寺内 淳（JMBC　運営委員長）

13:30～13:55（25分）
「ヒト腸内細菌と大腸がん発病モデル」
山田拓司 氏（東京工業大学　生命理工学院　生命理工学系　准教授）

13:55～14:20（25分）
「ヒト腸内細菌叢の機能理解に向けたメタボロゲノミクスアプローチ」
福田真嗣 氏（慶應義塾大学　先端生命科学研究所　特任准教授）

14:20～14:45（25分）
「マイクロバイオーム研究基盤としての標準Mock Communityへの期待とその課題」
川﨑浩子 氏（独立行政法人製品評価技術基盤機構　課長）

14:45～15:10（25分）
「日本人腸内細菌叢の特徴と国間多様性－我が国独自の細菌叢データ収集の重要性」
服部正平 氏（早稲田大学 理工学術院 先進理工学研究科 教授）

＜15:10～15:30 休憩＞

15:30～15:55（25分）
「データの統合解析に向けた標準化・バンキングの現状と課題」
谷内田真一 氏（大阪大学大学院　医学系研究科　医学部　ゲノム生物学講座・がんゲノム情報学　教授）

15:55～16:20（25分）
「ヒトマイクロバイオームビッグデータ集積と健康医療応用の現状と展望」
國澤 純 氏（国立研究開発法人　医薬基盤・健康・栄養研究所　ワクチンマテリアルプロジェクトリーダー）

16:20～16:45（25分）
「マイクロバイオーム研究の産業応用への期待とその基盤構築へのロードマップ～JMBC設立の経緯～」
寺内 淳（JMBC　運営委員長）

16:50～17:30（40分）
パネルディスカッション
進行：　寺内 淳（JMBC　運営委員長）
パネリスト：川﨑浩子氏、谷内田真一氏、國澤 純氏、
　　臼田佳弘（JMBC　副運営委員長）、片岡二郎（同左）、湯原悟志（同左）

17:30～17:35（5分）
閉会挨拶
寺内 淳（JMBC　運営委員長）

17:50～20:00　　交流会（会場前ホワイエにて）

主　催：　一般社団法人日本マイクロバイオームコンソーシアム
協　力：　公益財団法人都市活力研究所

問合せ：　一般社団法人日本マイクロバイオームコンソーシアム
大阪市北区大深町３－１ グランフロント大阪 タワーＣ ７階
事務局　味村和洋、安藤 桂　jmbc_sec@urban-ii.or.jp
tel. 06-6359-1322　fax. 06-6359-1329

ヒト腸内細菌メタゲノム解析による疾患関連因子の探索

東京工業大学 生命理工学院　生命理工学系　准教授
山田 拓司

ヒト腸管内には1000種100兆個体を超える細菌が共生している。これらの細菌はヒト腸内細菌と呼ばれ、腸管内に群集構造を形成し、複雑なエコシステムをなしている。微生物由来の遺伝子配列を直接決定するメタゲノム解析などの新たな解析手法の開発により、ヒト腸内環境研究は多くの発展を見せ、肥満、糖尿病、炎症性腸疾患、肝臓がんなどの様々な疾患との関連性が明らかになりつつある。
我々は大腸がんに焦点を当て、その発症に関するメカニズムにヒト腸内細菌がどのように関連しているかを明らかにするため、大規模な疫学コホート研究を行っている。その中で収集しているデータとして、ヒト腸内環境のメタゲノムデータに加え、メタボロームデータ、生活習慣、食生活および内視鏡所見も収集している。これらの統合解析により、大腸がん発症に関連する微生物、代謝物質、および微生物由来代謝経路を見出す試みを紹介する。

また、メタゲノム解析は大規模な遺伝子配列情報を産出するが、新規遺伝子が数多く存在するため、メタゲノム配列から得られた遺伝子の機能アノテーションをつけることができない場合が多い。そこで、我々はヒト腸内細菌群集に特化した代謝パスウェイデータベース、”EnteroPathway” データベースを構築している。このデータベースにより、これまでは機能を類推することが出来なかった遺伝子に対して、遺伝子機能をアノテーションすることができると期待できる。

ヒト腸内細菌叢の機能理解に向けた メタボロゲノミクスアプローチ

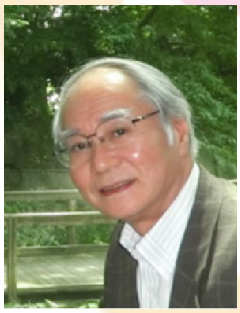
慶應義塾大学 先端生命科学研究所 特任准教授
福田　真嗣

腸内細菌叢のバランスの乱れが、さまざまな疾患の発症や増悪に関わることが近年続々と報告されている。われわれはこれまでに、腸内細菌叢機能の包括的理解に向けて、腸内細菌叢の遺伝子地図と代謝動態に着目したメタボロゲノミクスアプローチにより、腸内細菌叢から産生される様々な代謝物質が、生体恒常性維持や疾患の発症・増悪に関与することを明らかにした。本発表では、ヒト腸内細菌叢由来代謝物質プロファイルの特徴と、それらがもたらす生理的意義について、最新の研究成果も交えながら紹介する。

マイクロバイオーム研究基盤としての標準Mock Communityへの期待とその課題

独立行政法人製品評価技術基盤機構
バイオテクノロジーセンター 課長
川﨑　浩子

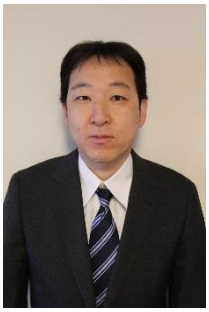
次世代シーケンサーの技術的革新によりヒトマイクロバイオーム研究分野は大きく進展し、新産業分野の創生をも期待させるものとなっている。微生物の視点から見ると、複数の微生物がヒトという環境の中で複雑な相互関係を形成し、健康や疾病に影響を与えていることが次々と解明されつつある。本分野の課題の一つに、微生物の多様性とヒトの個体差との複雑な組み合わせにおいて、普遍的な現象や原因を解明する点にある。そこで、手法の違いによるデータのばらつきが懸念される微生物叢解析技術を支援するために、モデル微生物を人為的に混合した計測レファレンス（Mock Community）の利用やその課題について話題提供する。さらに、得られた微生物叢解析結果から鍵となる微生物機能の解明のための研究基盤として、日本人由来微生物資源整備の必要性について言及する。



日本人腸内細菌叢の特徴と国間多様性 ―我が国独自の細菌叢データ収集の重要性

早稲田大学 理工学術院 先進理工学研究科 教授
服部 正平

ヒトマイクロバイオーム（とくに、腸内細菌叢）は年齢や食事、遺伝的背景等の様々な内的外的要因に影響され、結果として高い個人間多様化を示すのが特徴である。さらに、この個人間多様性を大きく超えた国・地域間多様性の存在も明らかになって来た。すなわち、健常者の細菌叢は国ごとに特徴的であり、同じ疾患の細菌叢は国間でほとんど類似しない。このことは、我が国のマイクロバイオーム研究には日本人データの蓄積が必須であることを示す。本講演では、日本人及び外国人腸内細菌叢データの比較解析から浮かび上がった日本人腸内細菌叢の特徴、国・地域レベルでの多様性を紹介する。



データの統合解析に向けた標準化・バンキングの現状と課題

大阪大学大学院 医学系研究科 医学部
ゲノム生物学講座・がんゲノム情報学 教授
谷内田　真一

近年、ヒト微生物叢の本態解明の機運が盛り上がり、臨床系学会においても微生物叢と疾患に関するシンポジウムが開催されるようになった。しかし、研究を行う各研究機関において解析手法等のプロトコルが異なることに加え、疾患を有する患者とコントロールの比較において、コントロール自体のデータも各研究で異なることが頻発されていることから、研究間を統合してエビデンスの高いデータを得ることが難しいことが問題となっている。微生物叢研究の発展にはメタゲノム解析の標準化やバンキングが、世界的に解決すべき課題と認識されている。昨年度から、AMEDにおいて笹川千尋 AMED・CREST 研究開発総括や大野博司 AMED・CREST 研究開発副総括を中心に、AMED・CRESTアドバイザー、AMED「医と食」、企業コンソーシアム（現：JMBC）と有識者で微生物叢解析の標準化やバンキングに関する議論を重ねてきた。本シンポジウムではその現状と課題について紹介する。

ヒトマイクロバイオームビッグデータ集積と健康医療応用の現状と展望

国立研究開発法人　医薬基盤・健康・栄養研究所
ワクチンマテリアルプロジェクトリーダー
國澤　純

近年、健康維持・増進におけるマイクロバイオームの役割が注目されており、創薬を始め産業界への応用も期待されています。その基盤構築のためには、マイクロバイオームとその周辺の情報収集と解析プラットフォームが必要となります。医薬基盤・健康・栄養研究所では、東京在住の約千名の方を対象に最長で9年間にわたり、毎年同じ方の食事や運動などの生活習慣、体力、健康診断などの多項目情報を収集してきました。現在は同じ方を対象にマイクロバイオームやメタボロームなどを解析すると共に、他の地域にお住まいの方を対象に同様のデータ収集を始めています。さらにそれらのデータを統合解析できるプラットフォームを構築し、様々な知見を得つつあります。本講演では食事成分や腸内フローラを介した生体制御に関する学術的知見と、機能性食品や、創薬、ワクチン開発への応用、さらには健常人コホートを活用した健康科学研究への展開を中心に、最新の知見を紹介したいと思います。

マイクロバイオーム研究の産業応用への期待とその基盤構築へのロードマップ

日本マイクロバイオームコンソーシアム 運営委員長
寺内　淳

健康や疾病との相関が明らかとなってきたヒトマイクロバイオームの産業応用の加速に向けて、2017年4月に一般社団法人日本マイクロバイオームコンソーシアム（JMBC）を製薬、食品、化粧品、検査企業で立ち上げた。本講演では，ヒトマイクロバイオーム研究成果から、どのような革新的製品が期待できるかについて産業視点で紹介する。さらに、そのための基盤となる推奨プロトコルの策定と健常人データベース構築に向けたロードマップとともに克服すべき課題点をJMBCの設立の経緯と併せて示し、基盤構築に向けた産学官の連携の重要性について討議する。