日刊工業新聞
年月日 24 07 04 ページ 25 NO.

技術で未来拓く (318)
―産総研の挑戦―

生体情報解析、社会に実装

早大と共同ラボ

ら、健康や環境といった社会課題の解決に役立つ新たな知見を見いだし、産業界への橋渡しを行う拠点として、2016年に産業技術総合研究所（産総研）と早稲田大学は共同で「産総研・早大生体システムビッグデータ解析オープンイノベーションラボラトリ（産総研・早大OIL）」を設立した。

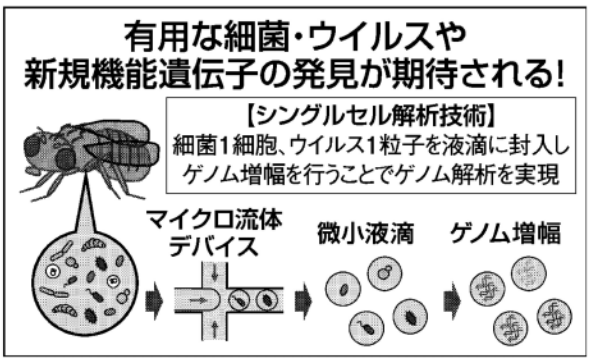
産業界に橋渡し

生物科学分野では、デオキシリボ核酸（DNA）、リボ核酸（RNA）、たんぱく質、低分子化合物といった多階層のデータが爆発的に増加している。これらのビッグデータから、健康や環境といった社会課題の解決に役立つ新たな知見を見いだし、産業界への橋渡しを行う拠点として、2016年に産業技術総合研究所（産総研）と早稲田大学は共同で「産総研・早大生体システムビッグデータ解析オープンイノベーションラボラトリ（産総研・早大OIL）」を設立した。

2つの研究課題

同ラボでは、二つの研究課題に取り組んでいる。一つ目の課題は「網羅的生体分子情報からの疾病ターゲット因子探索」である。長鎖ノンコーディングRNA（lncRNA、たんぱく質に翻訳されない約200塩基以上のRNA）を中心とした配列情報解析技術を駆使して、各種疾病データを解析してきた。

また、量子・人工知能（AI）技術によって、次世代の新薬として注目される「RNAアプタマー（特定のたんぱく質に特異的に結合するRNA）」創薬を推進している。



二つ目の課題は「新規の機能性物質・有用微生物の探索」である。シングルセル解析技術やラマン分光法などの細胞計測技術を活用し、生体、河川、海洋、土壌などに存在する微生物（主に細菌やウイルス）を探索するとともに、腸内細菌叢（そう）・共生細菌の機能解析、疾病メカニズムや生体制御メカニズムの研究も行っている。

新規ゲノム同定

同ラボのシングルセル解析技術は、混ざり物の多い土壌サンプルの解析や、ウイルス1粒子レベルの解析も可能であり、多数の新規ウイルスゲノムを同定してきた。

昆虫共生細菌のゲノム解析では、3系統の共生細菌ボルバキアが同時に感染している茶の害虫であるチャハマキの日本個体群から、シングルセル技術によりボルバキアを1細胞レベルで分離し、そのゲノムを増幅することにより、各系統のボルバキアゲノムを決定した。

さらに、台湾で見つかった「チャハマキのオスを殺すボルバキア」のゲノム情報との比較で、オス殺しを引き起こすバクテリオファージの存在とその遺伝子を明らかにした（東京農工大学、早大他との共同研究）。

今後は、これまでに開発した情報解析技術と複層的ビッグデータ取得技術や得られた知見を社会実装へとつなげるべく、企業との連携や共同研究をさらに推進していきたい。

（木曜日に掲載）

プロフィル

産総研 生体システムビッグデータ解析オープンイノベーションラボラトリ 副ラボ長
安佛 尚志

滋賀県出身。2004年に産総研入所。共生細菌が宿主昆虫に及ぼす多彩な影響と、そのメカニズムの研究に携わってきた。産総研・早大OILでは、応用展開に向けた共同研究および企業連携先を募集中。まずはメールにてcbbd-oil_e-ml@aist.go.jpまで。

無断転載・複写禁止 ㈱日刊工業新聞社