

PRESS RELEASE (2022/ 3 /31)

世界最大規模の腸内細菌叢統合データベースを構築し、一部のデータを公開
～ NIBIOHN JMD (Japan Microbiome Database) ～

医薬基盤・健康・栄養研究所

ポイント

- ① 世界最大規模の腸内細菌叢統合データベース NIBIOHN JMD (Japan Microbiome Database) を構築した
- ② NIBIOHN JMD には、腸内細菌叢データとともに、食事、摂取栄養素、身体活動などの生活習慣や、生体内因子等の様々な付随データの項目情報が掲載されている
- ③ 公開データは、可視化や相関解析が可能な統合解析プラットフォーム MANTA を用いて解析が可能となっている
- ④ 種々の疾患における腸内細菌叢の比較データとしての活用により、疾患研究の加速が期待される

概要

近年の研究から、腸内細菌は肥満や炎症、感染症やがんなど、今まで考えられていた以上に私たちの健康に大きな影響を与えていることがわかってきました。私たちは 2015 年度より健康な人を対象とした腸内細菌叢データベース構築のための研究に着手してきましたが、この度、世界最大規模の腸内細菌叢データベースとして NIBIOHN JMD (Japan Microbiome Database) を構築し、一部のデータを公開しました (<https://microbiome.nibiohn.go.jp/>)。

NIBIOHN JMD には、16S rRNA 遺伝子アンプリコンシーケンシングとショットガンメタゲノムシーケンシングの腸内細菌叢データに加え、食事や摂取栄養素、身体活動などの生活習慣に関する様々なデータ (表現型メタデータ) の項目情報が格納されています。また一部の参加者については、経時的な測定データや、口腔内や皮膚などの細菌叢のデータを格納しています。さらには、可視化や関連解析を可能とする独自に開発した統合解析プラットフォーム MANTA を用いた解析も可能となっています。

NIBIOHN JMD のデータは、日本人の腸内細菌叢の特徴の理解や、様々な健康状態や疾患と腸内細菌との関わりを解明する研究など、様々な研究に利用されることが期待されます。

NIBIOHN 国立研究開発法人
医薬基盤・健康・栄養研究所
National Institutes of
Biomedical Innovation, Health and Nutrition

NIBIOHN JMD

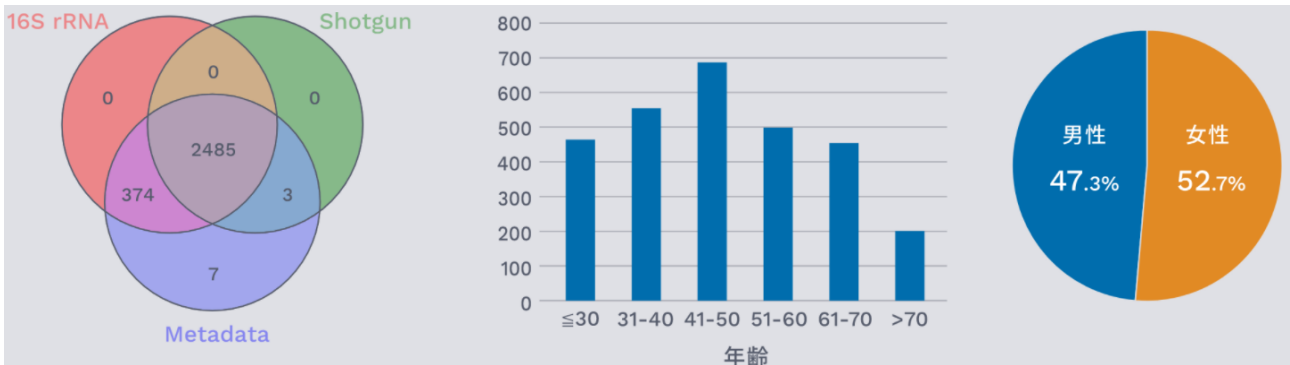
(Japan Microbiome Database)

腸内細菌叢データベースで新たな健康社会を実現

腸内細菌叢や栄養・食事成分などから形成される腸内環境を介した生体機能制御メカニズムを解明することで、
未病を含めた各種疾患に対する創薬、機能性食品、ヘルスケア製品のシーズ開発を進めています。
さらに、関連領域の加速度的発展の支援と共に、健康長寿社会の実現に貢献します。

【掲載されているデータの詳細】

NIBIOHN JMD (Japan Microbiome Database) には、腸内細菌叢のデータとして、16S rRNA 遺伝子アンプリコンシーケンシングとショットガンメタゲノムシーケンシングのデータが、それぞれ 2,859 件と 2,488 件掲載されています。



NIBIOHN JMD には、食事、摂取栄養素、運動習慣等、1,640 の様々な表現型メタデータの項目情報が掲載されており、カテゴリ別に分類されて、情報の検索が簡便にできます。

Show entries Search:

no ▲	タイトル	カテゴリ-1	カテゴリ-2	変数タイプ	選択
1	データベースID	NA	NA	continuous	n/a
2	測定日	geo demographic	geo demographic	continuous	n/a
3	年齢	geo demographic	geo demographic	continuous	n/a
4	性別	geo demographic	geo demographic	category_nonordered	1: 男性, 2: 女性
5	地域	geo demographic	geo demographic	factor	n/a
6	血液型	geo demographic	geo demographic	category_nonordered	1: A, 2: B, 3: AB, 4: O
7	分娩方法	characteristic	birth	category_nonordered	1: 経産分娩, 2: 帝王切開, 3: 不明
8	出生場所	characteristic	birth	category_nonordered	1: 病院, 2: 自宅, 3: 不明
9	授乳方法	characteristic	birth	category_nonordered	1: 主に母乳, 2: 主に調整乳, 3: 母乳と調整乳が半々, 4: 不明
10	高血圧(有無)	medical	history	category_nonordered	1: 治療中, 2: 治療済, 3: 放置, 4: ない

Showing 1 to 10 of 1,640 entries Previous 2 3 4 5 ... 164 Next

【データの公開】

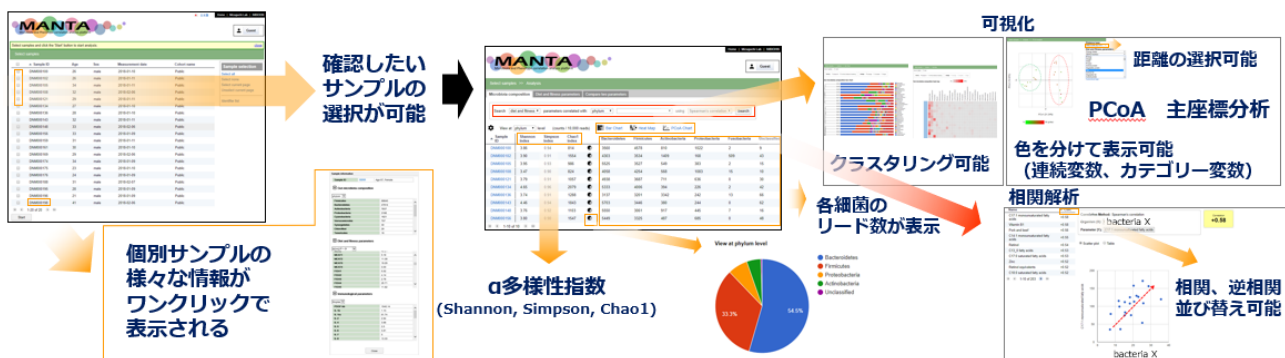
現在、NIBIOHN JMD (公開用) では、4 つの地域 (東京都新宿区、大阪府大阪市、新潟県南魚沼市、山口県周南市) の 954 名 (女性: 563 名、男性: 391 名、平均年齢: 51.3 歳) について、腸内細菌叢データとともに、地域、年齢、性別、食事のデータを公開しています。今後、その他の地域のデータも追加する予定です。

健康状態に関するデータなど、他のデータは公開していませんが、共同研究契約を締結後、研究倫理の審査を受けることで、これらのデータを用いた解析も可能となります。詳しいことは別途ご相談ください。

【統合解析プラットフォーム MANTA】

本データベースでは、統合解析プラットフォームである MANTA (Microbiota And pheNotype correlaTion Analysis platform) を用いた解析が可能となっています。MANTA は、腸内細菌叢データと食事や運動などの様々な表現型メタデータを統合解析し、可視化や相関解析ができるアプリです。MANTA は利用者にとって使いやすいシステムとして設計しており、バイオインフォマティクスの専門家でもデータベース上のデータに対話的に抽出、表示、あるいは相関解析することが可能です。

具体的には、16S rRNA 遺伝子アンプリコンシーケンシングとショットガンメタゲノムシーケンシングの腸内細菌データを、生物系統分類レベルごとに棒グラフやヒートマップによって可視化することができるとともに、Bray-Curtis や UniFrac 距離に基づいて階層的クラスタリングを行い、系統樹を出力することもできます。また、主座標分析については、生活習慣等の表現型メタデータの情報をもとに色を分けして表示することが可能です。さらに、腸内細菌叢と様々な表現型メタデータとの間の相関関係や表現型メタデータの間での相関関係を示すことが可能です(Pearson、Spearman)。



私たちはこの MANTA システムを用いて、NIBIOHN JMD に格納されている腸内細菌叢データや、食事、摂取栄養素、身体活動などの生活習慣に関するデータについて、データ相互間での関連解析など様々な研究を進めています。また、解析結果をもとに新たな動物実験の設計を行ったり、動物実験の結果をヒトに外挿可能かを確認したりするなど、様々な形で活用しています。

この MANTA はサーバー版の他に、PC にインストールして活用できる MANTA basic があり、自由にダウンロードしてお使いいただけます。

【研究者からのコメントおよび展開】

NIBIOHN JMD は、世界最大規模の腸内細菌叢データベースとして、多くのアカデミアや企業との共同研究として活用いただき、すでに一部の結果は論文などで報告されています。データ取得システムや取得データを協働で活用することで、効果的な研究推進体制を構築しています。

NIBIOHN JMD を軸に、他機関に対して解析の概要公開やデータ共有、解析システムの無料提供などを進めることで、コホート連携、データベース統合の実現を目指した取り組みを進めており、これにより、健康長寿社会の実現とともに医療・介護費の低減などに大きく貢献すること目指しています。

【謝辞】

本研究において、貴重なデータやサンプルを提供して下さった参加者の皆様に心よりお礼申し上げます。

本成果は、PRISM (官民研究開発投資拡大プログラム) ならびに厚生労働科学研究費補助金 (政策科学総合研究事業 (臨床研究等 ICT 基盤構築・人工知能実装研究事業) 「糖尿病個別化予防を加速するマイクロバイオーム解析 AI の開発 (令和元年度~)」、厚生労働科学研究費補助金 (政策科学総合研

究事業（臨床研究等 ICT 基盤構築・人工知能実装研究事業）「リアルワールドヘルスデータのブリッジング標準化のためのシステム開発～マイクロバイーム分析データのブリッジング標準化～（令和3年度～）」、厚生労働科学研究費補助金（循環器疾患・糖尿病等生活習慣病対策総合研究事業）「生活習慣病やアレルギー疾患の新しい予防法確立に資する健康な日本人の腸管免疫と腸内細菌データベースの構築に関する疫学研究（平成27―29年度）」の一環として得られたものです。

【リンク情報】

NIBIOHN JMD (Japan Microbiome Database) : <https://microbiome.nibiohn.go.jp/>

表現型メタデータ : https://microbiome.nibiohn.go.jp/metadata_jp.html

NIBIOHN JMD (公開用) : <https://microbiome.nibiohn.go.jp/jmd/public/>

統合解析プラットフォーム MANTA : <https://mizuguchilab.org/manta/>

【お問合せ先】（※に@を入力して送信願います。）

<研究に関すること>

国立研究開発法人 医薬基盤・健康・栄養研究所

ワクチン・アジュバント研究センター センター長

ワクチンマテリアルプロジェクト プロジェクトリーダー（併）

腸内環境システムプロジェクト プロジェクトリーダー（併）

國澤 純（クニサワ ジュン）

TEL: 072-641-9871, FAX: 072-641-9872

E-mail: kunisawa@nibiohn.go.jp

早稲田大学スポーツ科学学術院 教授

宮地 元彦（ミヤチ モトヒコ）

TEL: 04-2947-7313

E-mail: miyachim@waseda.jp

国立研究開発法人医薬基盤・健康・栄養研究所

AI 健康・医薬研究センター センター長

インシリコデザインプロジェクト プロジェクトリーダー（併）

水口 賢司（ミズグチ ケンジ）

TEL: 072-641-9890

E-mail: kenji@nibiohn.go.jp

国立研究開発法人医薬基盤・健康・栄養研究所

マイクロバイーム研究チーム

E-mail: microbiome@nibiohn.go.jp

<報道に関すること>

国立研究開発法人 医薬基盤・健康・栄養研究所

戦略企画部

TEL: 072-641-9832 FAX: 072-641-9821

E-mail: kikaku@nibiohn.go.jp