

代表申請者のみ

所属長	所属科長	事務(局/部)長

令和4年 4月 5日

理 事 長 殿

学 長 殿

令和3年度“オール近大”新型コロナウイルス感染症 対策支援プロジェクト研究報告書

標記の件に関しまして、別紙のとおり報告いたします。

また、本研究報告の内容は、近畿大学学術情報リポジトリ（KURepo）に公開する旨、承諾いたします。

1. カテゴリー	<input type="checkbox"/> 研究 <input checked="" type="checkbox"/> 開発・提案 ／カテゴリーNo 39
2. 企画題目	ポストコロナ時代の国際共同研究基盤の再構築

研究代表者

所 属 : 食品安全工学科

職・氏名 : 准教授 白木 琢磨



令和3年度“オール近大”新型コロナウイルス感染症 対策支援プロジェクト研究報告書

企画題目	ポストコロナ時代の国際共同研究基盤の再構築
研究者所属・氏名	研究代表者：食品安全工学科 白木琢磨 共同研究者：グローバルエデュケーションセンター 松下聖

1. 研究、開発・提案 目的及び内容

新型コロナウイルスへの対応で、大学の教育・研究は大きく停滞し、外部資金の獲得が研究活動に大きく影響している。一方で最近の外部資金の採択の傾向として、既に研究が始まっていることが条件となっている。非常事態宣言や蔓延防止でヒトとモノの行き来が制限され、生物サンプルのやり取りも困難を極めている。このようなポストコロナ時代に向けて、サンプルではなくデジタルデータでの交流を基盤にした国際共同研究を目指す必要がある。

2. 研究、開発・提案 経過及び成果

二国間国際共同研究事業申請では、メタゲノムモニタリング、環境モニタリング同時に行うことでの、畜産物高品質化のための家畜健康管理・環境管理技術の開発を行うことを目的とした。そこではサンプルの共有ではなく、「国際的に転送し共有可能な技術の実装」を目指すとした。つまり、サンプルやノウハウを共有するのではなく、解析技術を転送しデータを共有することを目標にした。

畜産においては、遺伝的育種改良が進み、均質な遺伝的背景を持った牛、豚を肥育に回しているにも関わらず、出来上がった畜産物のバラツキは依然大きく、生体におけるモニタリング技術の開発が求められている。これまで、生体から血液採取を行い、血清中に含まれる代謝物を網羅的にモニターすることで、肉質予測を行うことを行ってきた。血清メタボロームは人間の血液検査でもわかるように、かなりの健康状態を反映しており、家畜においても農家間でのバラツキ、農家間でのバラツキが観察されている（令和3年度日本蛋白質科学会ワークショップ「細胞内機能を支配するタンパク質分子機能の多様性・特異性・協調性の動的制御機構」および、令和3年度生化学会シンポジウム「医食同源：食と自然治癒力」で発表）。これらのバラツキは、おそらく飼育環境からの影響であると考え、今回、メタゲノムモニタリングを行い、家畜の共生微生物を監視することで個体のバラツキに影響する要因を探ることを試みた。

令和3年度4月～10月の間に和歌山県内の家畜繁殖農家、肥育農家および和歌山県畜産試験場において、牛および豚の鼻腔からスワブにより鼻汁採取を行った。鼻汁に含まれる微生物の種類について、一般的に食品の衛生管理過程で用いられる生菌テストキット(DD チェッカー)を用いて、検査を行った。これまでのところ、過去の文献で報告されている通り、大腸菌、黄色ブドウ球菌、緑膿菌、真菌などが検出された。今回は菌の有無を見ただけであり、生菌数の変動を見るには至っていない。また、通常コロニーから 16S リボソーム DNA を PCR 法で增幅し、シーケンサーにより配列を読み取ることで、菌の種類を同定することができるが、研究室で所有するシーケンサーAbi-3100 のパソコンが故障したため、解析を勧めることが出来なかった。Abi-3100 はメーカー保証が終わっており、修理不可能と言われている。

12月24日に本プロジェクトで使用する次世代シーケンサーiSeqが導入された。1. 目的でも述べたように、非常事態宣言や蔓延防止でヒトとモノの行き来が制限されたため、試薬や機器の国内への輸送が非常に遅れてしまい、実験は年が開けてからとなってしまった。次世代シーケンサーは、1度に 48 サンプルまで同時に測定にかけることができるため、今回は条件検討も含め 16 サンプルについて DNA 濃度を変えて 2 度測定を行った。

デジタルデータでの交流を基盤にした国際共同研究を目指すため、得られた測定データを可視化する情報学的な技術整備を行った。次世代シーケンサーからは fastq と呼ばれる配列フォーマットでデータが吐き出される。データの読み取り、ゲノム配列へのアラインメント、さらには配列の出現頻度のカウントを自動化するために、研究室に導入した 48CPU のワークステーションで並列解析できるように、R スクリプトを整備した。今のところ 1 回の次世代シーケンサーのデータを解析するのに、2週間の計算時間がかかっている。

3. 本研究と関連した今後の研究、開発・提案 計画

当初予定していた二国間国際共同研究事業はロシアとの令和3年度の申請で不採択であった農林水産省の日露共同研究を想定していた。しかし、ウクライナ情勢の悪化により、ロシアのサンクトペテルブルク工科大学との交流も途絶えてしまった。そこで、整備したデジタルデータを活用した共同研究を国内ですすめることにした。令和4年度のJRA事業および農林水産省のイノベーション創出強化研究推進事業の2つに応募した。前者は鼻汁メタゲノム解析による牛のストレスモニタリング、後者は熟成肉の熟成過程で変化する微生物叢の分析というテーマで応募を行った。いずれも、本プロジェクトで導入した次世代シーケンサーを活用するテーマとなっている。また、産業創出の観点では、前者はICT技術との融合を目指し、フルサト・マルカホールディングス株式会社との共同研究を、後者は熟成肉に適した黒毛和種肥育を目指し、有限会社中勢以との共同研究へつなげることが出来た。外部資金の獲得を通じて、本研究で構築した技術の実用化を目指したい。

4. 研究成果の発表等

発表機関名	種類(著書・雑誌・口頭)	発表年月日(予定を含む)
日本蛋白質科学会大会	ワークショッップ口頭発表	2021.6.18
日本生化学会大会	シンポジウム口頭発表	2021.11.5
日本環境変異原学会大会	シンポジウム口頭発表	2021.10.2
近畿大学先端技術総合研究所紀要	雑誌	2022.3
ファーマラボ EXPO	アカデミックフォーラム 口頭発表	2021.12.8

5. 研究、開発・提案 課題の成果発表等

R2オール近大のサポートで、次世代化合物ライブラリーであるKindai Library2.0を整備した。R3オール近大では畜産をターゲットとして、次世代シーケンサーを活用した多様性解析を立ち上げることが出来た。一見異なる研究テーマで設定されているが、いずれも特願2017-234640「生体高分子立体構造表示装置、プログラムおよびその表示方法」および特願2017-234640として出願し、後にノウハウとして所有するために取り下げた「機能的ネットワーク遺伝子探索方法と機能的ネットワーク作用化合物」の考え方を発展したものである。つまり、生物の持つゆらぎやバラツキの中からいかにして原因を抽出するかという点で、一貫している。この技術で得らる情報を医薬品、食品、畜産へ応用展開することが、私の目標である。R2, R3オール近大をきっかけとして共同研究が進むフルサト・マルカホールディングス株式会社と有限会社中勢以に加え、技術相談やファーマラボEXPOをきっかけに現在秘密保持契約を進め、共同研究を始める予定である株式会社中原、株式会社マルホの2社とも研究成果を共有し、一つでも社会に役立てられるように新たな研究費獲得へつなげていきたい。