

2019年12月2日

報道関係者各位

慶應義塾大学先端生命科学研究所

皮膚常在アクネ菌で個人識別ができる可能性

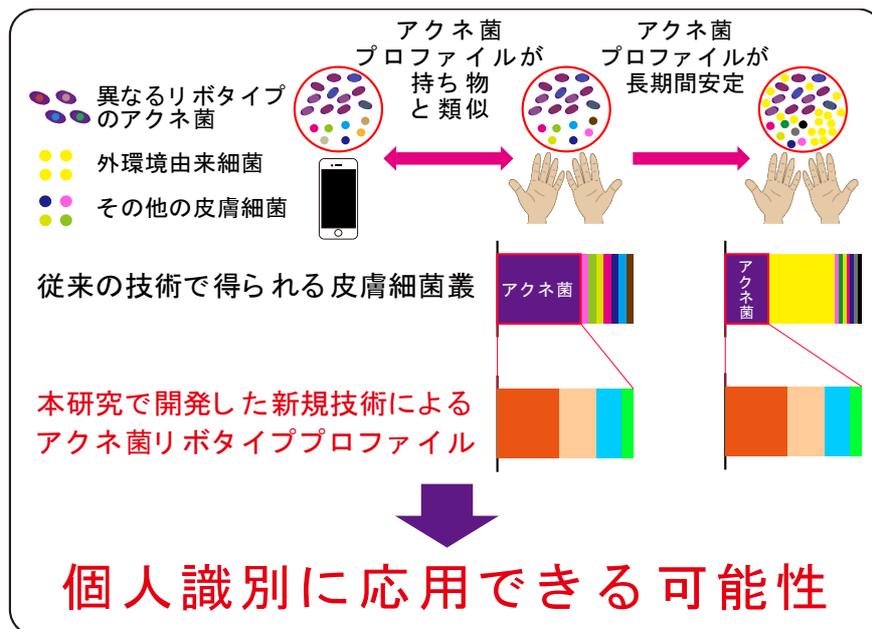
—アクネ菌組成が個人に特異的かつ長期的に安定である事を発見—

慶應義塾大学先端生命科学研究所（山形県鶴岡市、富田勝所長）の福田真嗣特任教授、楊佳約（ヨウ・カヤク）研究員、政策・メディア研究科修士課程の月見友哉さん、吉川実亜さん（当時）、理化学研究所の鈴木健大開発研究員らを中心とした研究グループは、皮膚に常在するアクネ菌（*Cutibacterium acnes*）の組成が個人特異的であり、かつ長期的にも安定であるため、個人識別や持ち物の所有者識別に応用できる可能性を明らかにしました。

本研究成果は、アメリカ微生物学会(American Society for Microbiology)の国際科学誌「mSystems」のオンライン版に2019年11月26日(米国東部時間)に掲載されました。

1. 研究のポイント（本研究の概要図参照）

- (1) 皮膚常在アクネ菌(*Cutibacterium acnes*)の組成が個人に特異的であり、かつ長期的にも安定していることを発見しました。
- (2) パソコンやスマートフォンなどに付着したアクネ菌の組成から、持ち主を特定できる可能性があることを明らかにしました。



本研究の概要

2. 研究の背景

ヒトの皮膚には多種多様な皮膚細菌が生息しており、これらの集団（皮膚細菌叢と呼ぶ）は宿主であるヒトと相互作用し、宿主ごとに特徴的な皮膚細菌叢を形成しています。これまでの研究から、このような個人特異的な皮膚細菌叢を用いて所有物の持ち主を同定できる可能性が示唆されていました。しかしながら、皮膚は常に外界に晒されている環境であるため、外部からの細菌の混入による識別精度の低下や、長期的な安定性の低下などが課題となっていました。

3. 研究の内容

次世代シーケンサーを使ったアクネ菌の解析方法を開発

本研究では、主要な皮膚常在菌の一種であり、現代人の皮膚から共通して検出されるアクネ菌 (*Cutibacterium acnes*) の 16S リボソーム RNA 遺伝子(注 1)の一塩基多型(注 2) (リボタイプ)に着目し、アクネ菌遺伝子を用いた個人識別方法の開発を試みました。皮膚には異なるリボタイプのアクネ菌が多種類存在することが示唆されていたことから、本研究ではまず皮膚細菌叢からアクネ菌の 16S リボソーム RNA 遺伝子のみを特異的に増幅する PCR 法(注 3)及び次世代シーケンサーで解析する方法を開発しました (図 1)。

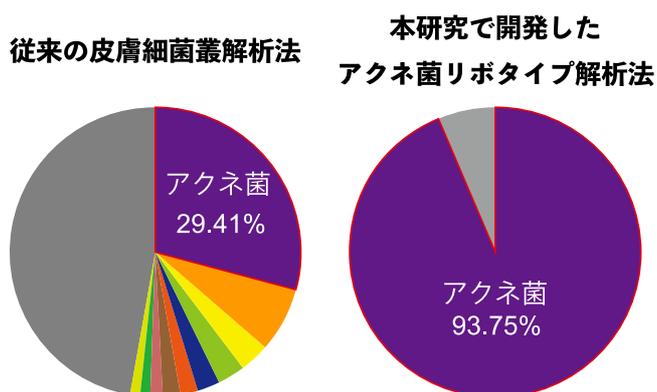


図 1 本研究で開発したアクネ菌の 16S リボソーム RNA 遺伝子の特異的増幅法 (右) と従来法 (左) との比較解析結果

新たに開発した手法を用いることで高頻度にアクネ菌の遺伝子配列が得られた。

アクネ菌リボタイププロファイルは個人に特異的で長期的にも安定

次世代シーケンサーを用いて皮膚細菌叢中のアクネ菌リボタイプの網羅的な解析を実施したところ、個人の両手とそれぞれの持ち物表面に付着したアクネ菌リボタイプは類似性が高く、皮膚細菌叢よりも長期に安定であることを見出しました (図 2)。

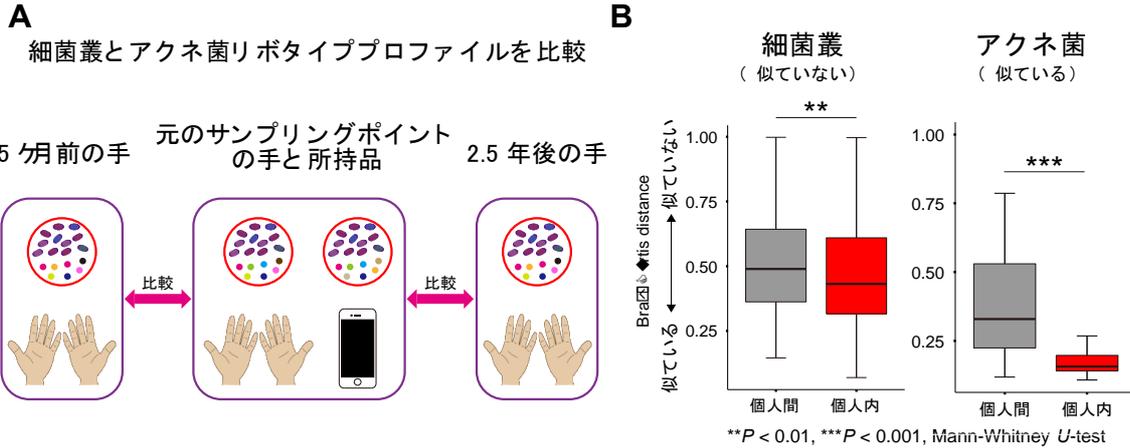


図2 5ヶ月前あるいは2.5年後の細菌叢組成およびアクネ菌組成の類似度比較

A 試験計画の概要

B 長期間経過した後のサンプル中の細菌叢組成およびアクネ菌組成の類似度比較。Bray-Curtis distance 値が個人間よりも個人内で小さいと、そのプロファイルが個人特異的であることを意味する。

アクネ菌リボタイププロファイルは個人識別や持ち物の所有者識別に応用できる可能性

次に、機械学習法(注4)を用いて、得られたアクネ菌リボタイプ情報から個人識別や所有者識別を行うための判別器を作成したところ、アクネ菌リボタイプのみで約80%、皮膚細菌叢情報も合わせると90%以上の正答率が得られました(図3)。これらのことから、皮膚常在のアクネ菌リボタイプ情報を活用することで、個人識別や持ち物の所有者識別が可能になると考えられます。

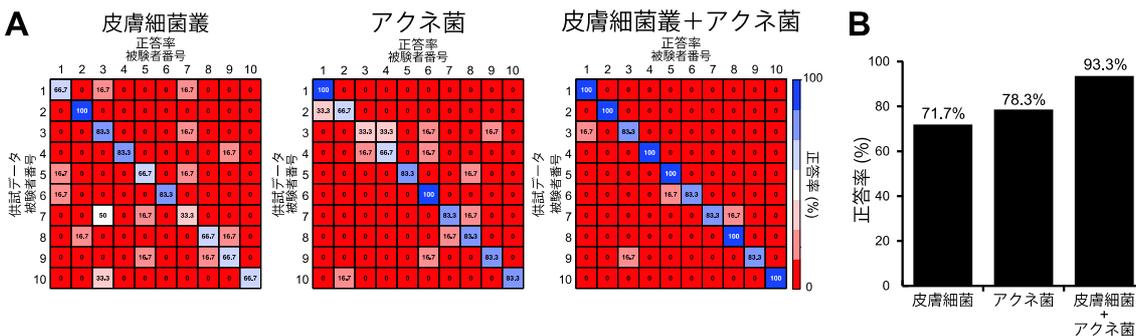


図3 手のひらと持ち物の細菌叢組成およびアクネ菌組成情報に基づく所有者識別

A 機械学習法を用いた細菌叢組成およびアクネ菌組成に基づく所有者識別の正答率の分布

B 機械学習法を用いた細菌叢組成およびアクネ菌組成に基づく所有者識別の正答率の比較

4. 今後の展望

近年の科学技術の進歩により、指紋認証などの従来の個人識別法とは異なる新しい個人識別方法の開発が求められています。本研究成果を応用することで、指紋では判別できないような状況においても、極僅かに残されたアクネ菌遺伝子を PCR 法により増幅し、アクネ菌リボタイプに基づく判別器を用いることで、犯罪捜査などにおける新たな個人識別法や持ち物の所有者識別法の開発につながることを期待されます。

5. 研究論文について

タイトル : Cutibacterium acnes (Propionibacterium acnes) 16S rRNA Genotyping of Microbial Samples from Possessions Contributes to Owner Identification

著者名 : Jiayue Yang*, Tomoya Tsukimi*, Mia Yoshikawa*, Kenta Suzuki, Tomoki Takeda, Masaru Tomita, Shinji Fukuda † (*筆頭著者、† 責任著者)

掲載雑誌名 : mSystems

DOI: 10.1128/mSystems.00594-19

本研究は、下記の支援を受けて行われました。

- ・ 国立研究開発法人科学技術振興機構 (JST) さきがけ、ERATO
- ・ 独立行政法人日本学術振興会 (JSPS) 基盤研究 B、新学術領域研究
- ・ 独立行政法人日本医療研究開発機構 (AMED) CREST
- ・ 公益財団法人武田科学振興財団特定研究助成
- ・ 公益財団法人糧食研究会特定助成
- ・ 慶應義塾大学グローバルリサーチインスティテュート基軸プロジェクト・長寿
- ・ Research funds from the Yamagata prefectural government and the City of Tsuruoka
- ・ 森泰吉郎記念研究振興基金

用語解説

注 1 16S リボソーマル RNA 遺伝子 : 細菌の細胞内でタンパク質合成を行うリボソーム複合体を構成する成分の一つである 16S リボソーマル RNA をコードする遺伝子。生存に必須。

注 2 一塩基多型 : DNA の塩基配列における一塩基の違い。

注 3 PCR 法 : DNA 複製酵素を用いて生体外で微量の DNA を短時間で増幅する手法。

注 4 機械学習法 : コンピュータにデータを与えて学習させることにより、有用な規則や判断基準を発見させること。学習には様々なアルゴリズムが存在するが、本研究では複数の決定木の結果を統合して判断するランダムフォレストを用いた。

※ご取材の際には、事前に下記までご一報くださいますようお願い申し上げます。

※本リリースは山形県政記者クラブ、鶴岡市記者会等に送信させていただいております。

・研究内容についてのお問い合わせ先

慶應義塾大学先端生命科学研究所

特任教授 福田真嗣(ふくだ しんじ)

Email: sfukuda@sfc.keio.ac.jp

・取材についてのお問い合わせ先

慶應義塾大学先端生命科学研究所 渉外担当

TEL: 0235-29-0802 FAX: 0235-29-0809

Email: office@ttck.keio.ac.jp