



新規なヒト腸内細菌叢解析手法の開発

メタデータ	言語: Japanese 出版者: 日本DOHaD研究会 公開日: 2019-01-31 キーワード (Ja): キーワード (En): 作成者: 辻, 浩和 メールアドレス: 所属:
URL	http://hdl.handle.net/10271/00003453

シンポジウム 1-1

新規なヒト腸内細菌叢解析手法の開発
Development of a Novel Analytical System for Human Intestinal Microbiota

辻 浩和

(株) ヤクルト本社 中央研究所 基盤研究所

Hirokazu Tsuji

Basic Research Department, Yakult Central Institute

ヒト腸内には約 1000 種の細菌が糞便 1g あたり 10^{11} 個レベルで棲息し、極めて複雑な微生物生態系を形成している。この腸内菌叢は免疫系の発達や感染防御、様々な疾患さらには腸脳相関に関連することが示唆されている。したがって、腸内細菌叢を正確に把握することは、ヒトの生涯にわたる健康を増進する上で非常に重要と考えられる。これまで様々な分子生物学的方法による腸内細菌叢の解析手法が開発され、特に次世代シーケンサーによる腸内細菌解析手法は今や主要な技術となっている。しかしながら、この方法は検出感度が低く最優勢菌のみしか測定できない、定量性に乏しいといった点で問題が残されている。そこで我々は、迅速かつ操作がシンプルで多検体の解析に適した方法である定量的 PCR 法の発展形として、定量的 RT (Reverse Transcription) -PCR を原理とした Yakult Intestinal Flora-SCAN (YIF-SCAN)を開発した。

YIF-SCAN では、細胞内に豊富に存在する rRNA 分子を標的とするため、通常の rRNA 遺伝子 (rDNA) を標的とする分子生物学的手法と比較して数百倍高い検出感度で標的微生物の定量が可能となる。さらに、rDNA を標的とした PCR では生菌のみならず死菌をも測定することがあるのに比べて、rRNA 自体がより生菌状態を反映していることから、YIF-SCAN が生菌を定量するために好適な手法であるといえる。

我々は、YIF-SCAN を用いて健常日本人における腸内細菌叢の発達や、さまざまな疾患において腸内細菌叢の異常を見出してきた。さらに YIF-SCAN は、既存の分子生物学的な腸内細菌叢解析技術の中で際立って高い感度と精度を有することから、血液などの臨床検体中の生細菌の解析にも適用を試みた。本発表では、YIF-SCAN の原理を概説するとともに、それを用いたヒト腸内細菌叢や血液中細菌の解析例を紹介する。

【略歴】

学歴・職歴：

1992 年 東京農業大学大学院農学研究科終了
同年 (株)ヤクルト本社入社中央研究所勤務
2010 年 医学博士 (筑波大学)
2013 年 中央研究所 基盤研究所 フローラ機能研究室長～現在に至る

専門領域：

分子生物学、腸内細菌学

所属学会：

日本細菌学会、日本感染症学会、日本農芸化学会、腸内細菌学会、日本乳酸菌学会