

## 基礎

## ヒト腸内細菌叢解析技術の臨床研究への応用

Application of human gut microbiome analysis technologies to clinical study

早稲田大学理工学術院先進理工学研究科教授

理化学研究所生命医科学研究センターマイクロバイオーム研究チーム チームリーダー

服部正平 Hattori Masahira

## KEY WORD

腸内細菌, メタゲノム, 16Sリボソーム遺伝子, 次世代シーケンサー

## はじめに

数百兆個の微生物から構成されるヒト腸内細菌叢が疾患を含むさまざまなヒトの生理状態と密接に関係することが近年明らかになってきた<sup>1)2)</sup>。こういった細菌叢がもつ生理作用やその生態系の研究は、細菌叢DNA(メタゲノム)のゲノム・遺伝子情報を直接収集・解析する次世代シーケンサー(next generation sequencer: NGS)を用いたメタゲノム解析技術によるところが大きい。本稿では、NGSを用いた細菌叢メタゲノム解析とその臨床応用に関する技術背景を紹介する。

## NGSを用いたヒト腸内細菌叢の解析

ヒト腸内細菌叢のメタゲノム解析は2006~2007年の米国と日本のグループ

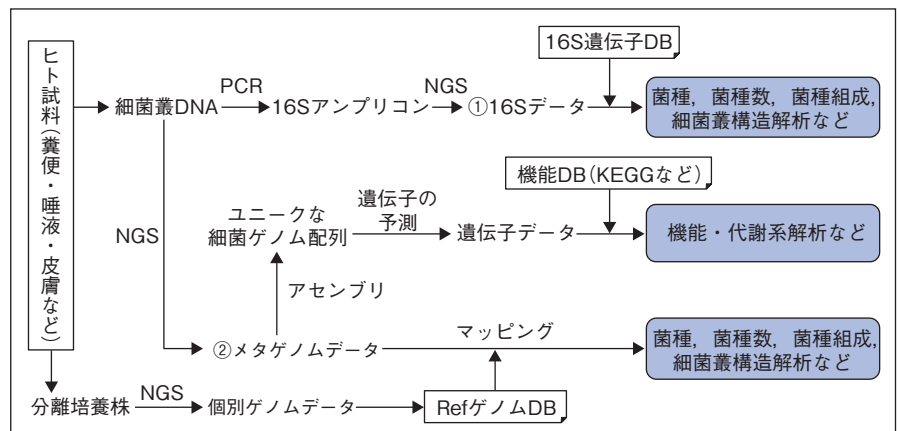


図1 NGSを用いたヒト腸内(常在)細菌叢の解析法

による論文発表に始まる<sup>3)4)</sup>。2008年以降はNGSによるメタゲノム解析が一般的となり、最近では千人規模でのコホート研究も報告されている<sup>5)6)</sup>。NGSを用いた細菌叢解析は主に細菌の必須遺伝子である16SリボソームRNA(16S)遺伝子に特化した①メタ16S解

析と②ゲノム・遺伝子情報を網羅的に解析するメタゲノム解析の2つがある(図1)。

## 1. メタ16S解析

メタ16S解析の第1ステップは、糞便から調製した細菌叢DNA<sup>7)</sup>から16S