

ヒトマイクロバイオームのシーケンス解析

早稲田大学理工学術院先進理工学研究科

服部 正平

Masahira Hattori
(教授)

はじめに

ヒト腸内細菌叢の細菌ゲノムの集合体(マイクロバイオーム)をシーケンスするメタゲノム解析¹⁾²⁾と、大容量の配列決定能をもつ次世代シーケンス(NGS)技術の開発によって、複雑で多様なヒト常在細菌叢を俯瞰的に評価できるようになった³⁾。加えて、日米欧などからなる International Human Microbiome Consortium が 2008 年に発足し、大量データに基づいた国際的なマイクロバイオーム研究が進展した⁴⁾。これらの研究を通して、腸内細菌叢が個体の成熟化や恒常性の維持に必須であることや、一方で、その破綻(dysbiosis)が消化器系疾患を含めた全身的なさまざまな疾患と関連することが明らかとなった⁵⁾⁻¹³⁾。

細菌叢シーケンス解析

NGS を用いた腸内細菌叢シーケンス解析の概略を図 1 に示す。① 16S リボソーム RNA (16S rRNA) 遺伝子のシーケンス(16S 解析)、② 分離培

養された細菌株の個別ゲノムシーケンス解析、③ 細菌叢のメタゲノムシーケンスの 3 つが主な解析法である。16S 解析は菌種数、菌種の特定、菌種組成の解析などに用いる。メタゲノム解析では遺伝子や代謝系などの機能を情報学的に解析する。分離培養株のゲノムデータは、16S やメタゲノムデー

タが由来する細菌種の帰属や菌種組成解析に有効となる。これまで 7,000 株以上のゲノム配列がデータベース化されている(<http://www.hmpdacc.org/>)。

本稿では、汎用されている 16S 解析について述べる(図 2)¹⁴⁾。実験操作は、16S rRNA 遺伝子の保存領域にアニールする共通 PCR プライマーを用

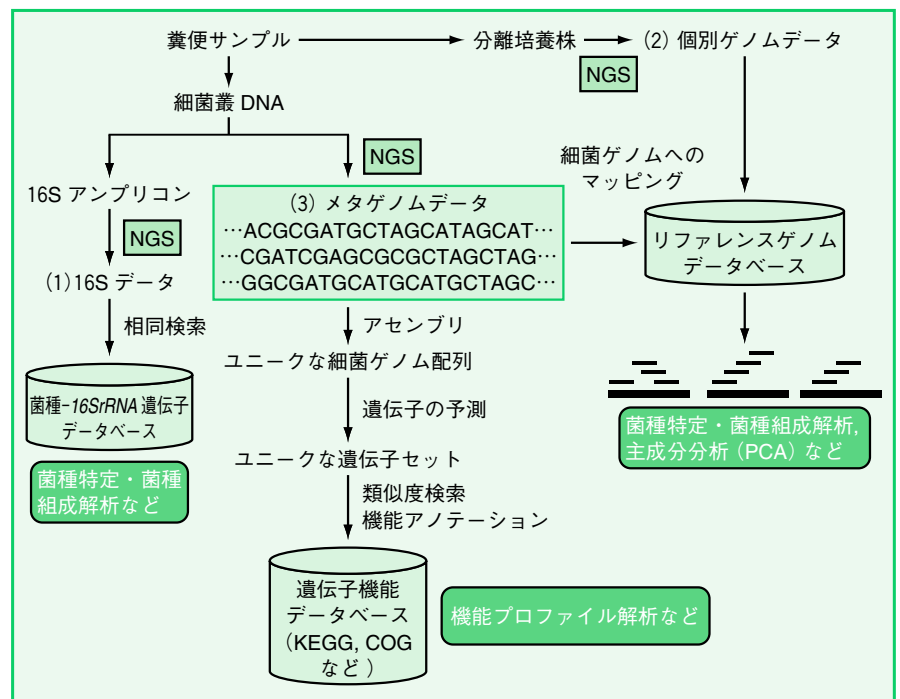


図 1 NGS を用いた腸内細菌叢シーケンス解析の概略

本文を参照。

(筆者作成)

Surgery Frontier 22(3) : 50-53, 2015