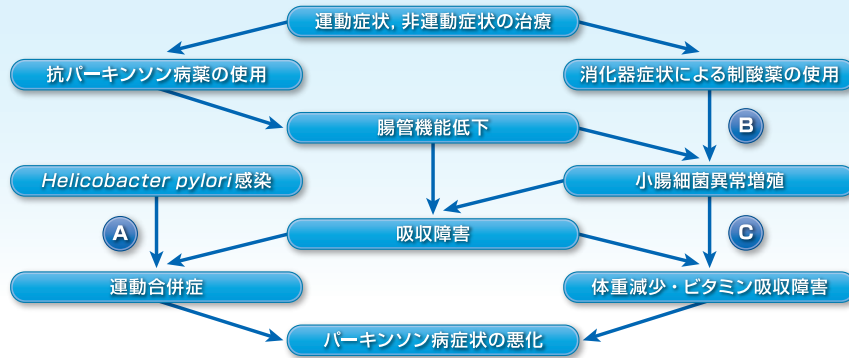


図1 小腸細菌異常増殖とパーキンソン病



A: ピロリ菌除去は運動合併症を改善する。

B: 漫然としたプロトンポンプ阻害薬の使用は胃酸の産生抑制による殺菌能力低下のみならず認知症の増加も報告されている。

C: 小腸細菌異常増殖は、細菌による食物の消費だけでなくビタミンや脂質の吸収障害、抗パーキンソン病薬の分解などを起こす。

図3 細菌叢の解析方法

**口腔細菌叢**  
ミュータンス菌など  
1000億個以上

**皮膚常在細菌叢**  
ブドウ球菌,  
アクネ桿菌など  
100万個

**腸内細菌叢**  
乳酸菌,  
大腸菌など  
100兆個以上

**独自の細菌叢を形成し  
バリア機能を担っている**

腸内細菌叢は嫌気性菌であることや細菌数が多いことから菌種の同定や数の測定が困難であったが次世代シーケンサーの発達で急速に解析が可能となっている。

**解析方法**

**16SrRNA 遺伝子解析**

ターゲットとする領域を増幅

解析

**16SrRNA 遺伝子**

V1 V2 V3 V4 V5 V6 V7 V8 V9

■ 可変領域

約1,500bp

リボソームの構成ユニットである16SrRNAをコードするDNAには細菌の種類ごとに特異的な配列が9カ所含まれるため、その一部または全部を増幅し、配列を読み取る。

データ量: 数百MB 費用: 安価  
菌種の同定のみ

**全ゲノム解析**

すべてのDNAを細分化

PCRにより増幅

配列を読み取る。  
ソフトにより解析法が異なる。

- 1) アセンブリ結果で予測された遺伝子セットからの系統マーカーを抽出し、16SrRNAとの相同性を解析する。
- 2) 16SrRNA遺伝子だけでなく、複数の系統マーカー遺伝子セットに対して配列類似性検討をする。
- 3) RefSegデータベースなどを対象にして網羅的に配列相同性の検索を行いヒットした系統情報を割り当てる。
- 4) 配列類似相同性に依存せず、配列のK-mer情報を利用して系統を割り当てる。

データ量: 数GB 費用: 高価  
菌種と機能遺伝子の解析可能

22 (22) Frontiers in Parkinson Disease Vol.11 No.1 2018

SAMPLE

Copyright(c) Medical Review Co.,Ltd.