

# NCGG SEMINAR

## 腸内細菌叢と生体防御・免疫系

大野 博司 先生

Dr. Hiroshi Ohno



理化学研究所  
統合生命医科学研究センター (IMS)  
粘膜システム研究グループグループディレクター

2017年10月6日(金) 16:00~17:00

第1研究棟 2階 小会議室

われわれの腸内には膨大な数の共生細菌群が棲息している。この腸内細菌叢 (gut microbiota) はヒトでは500~1,000菌種にものぼり、総数は40兆個以上と、約30兆個とされるヒトの体細胞数の数倍にも達し、さらにその遺伝子総数は一人当たり数十万と、ヒト自身の遺伝子数2万強をはるかに凌駕している。このように多種多様な菌からなるgut microbiotaは、菌同士の相互作用により複雑な代謝系を形成するとともに、宿主との相互作用により「腸エコシステム(gut ecosystem)」と呼ばれるユニークな環境系を構築し、ヒトの生理・病理に多大な影響を与えている。したがって、ヒトの生理・病理を真に理解するためには、腸エコシステムの理解が不可欠である。しかし、膨大な数の細菌群と宿主が複雑に相互作用する腸エコシステムを個体レベルで解析する良い手法はこれまでなかった。演者らは、ゲノム (DNAレベル)、トランスクリプトーム (RNAレベル)、メタボローム (代謝産物レベル) など異なるレベルの網羅的解析法を組み合わせた統合オミクス手法を提唱し、その有用性を示してきた。本講演では、統合オミクス統合解析法により得られた腸エコシステムの分子基盤について紹介する。

### 参考文献

1. Fukuda, S. et al. Bifidobacteria can protect from enteropathogenic infection through production of acetate. *Nature*, 469(7331): 543-547, 2011
2. Furusawa, Y. et al. Commensal microbe-derived butyrate induces colonic regulatory T cells. *Nature* 504(7480): 446-450, 2013
3. Sugahara, H. et al. Probiotic Bifidobacterium longum alters gut luminal metabolism through modification of the gut microbial community. *Sci Rep.*, 5: 13548, 2015

連絡先：老化機構研究部 丸山 (5002)