

講演番号：3A37p18

講演日時、会場：3月28日 17:37～ A校舎37会場

Asian Microbiome Project phase 2: アジア人の腸内細菌叢の加齢に伴う変化

Asian Microbiome Project phase 2: Age-related changes in gut microbiota in Asian population

○山本 麻寿紗¹、東 佳那子¹、百田 理恵¹、本田 倫子¹、渡辺 幸一²、Shirchin Demberel³、Sunee Nitisinprasert⁴、Park Yong Ha⁵、Endang S. Rahayu⁶、Fa-Zheng Ren⁷、Yuan Kun Lee⁸、園元 謙二¹、中山 二郎¹ (1九州大学、2ヤクルト中央研究所、3モンゴル州立農業大学、4カセサート大学、5嶺南大学、6ガジャ・マダ大学、7中国農業大学、8シンガポール国立大学)

○Azusa YAMAMOTO¹, Kanako HIGASHI¹, Rie MOMODA¹, Noriko HONDA¹, Kouichi WATANABE², Demberel Shirchin³, Nitisinprasert Sunee⁴, Yong Ha Park⁵, Rahayu Endang S.⁶, Ren Fa-Zheng⁷, Lee Yuan Kun⁸, Kenji SONOMOTO¹, Jiro NAKAYAMA¹ (1Kyushu Univ., 2Yakult Central Institute, 3Mongolian State University of Agriculture, 4Kasetsart Univ., 5Yeungnam Univ., 6Gadjah Mada Univ., 7China Agric. Univ., 8National Univ.of Singapore)

【目的】ヒトの腸内細菌叢は食と健康を繋ぐ重要なインターフェースであり、多様な食文化の根付くアジア人の腸内細菌叢とその健康に及ぼす影響は大変興味深いと思われる。そこで、アジアにおける食と腸内細菌と健康の関係を明らかにすべく、Asian Microbiome Project (AMP)が設立され、アジアの国々を対象として研究が行われている。本研究では、被験者の年齢に着目し、アジア人の腸内細菌叢の加齢に伴う変化について解析を行った。

【方法・結果】対象としたのは中国、インドネシア、韓国、モンゴル、タイの5カ国の、2歳から90歳の児童、成人、高齢者(計488名)である。被験者から糞便を採取し、全細菌のゲノムDNAを抽出した。16S rRNA 遺伝子配列のV6-V8領域を、バーコードタグ付きユニバーサルプライマーを用いて網羅的に増幅させ、得られた産物を次世代シーケンサー(454 FLX titanium)による配列解析に供した。得られた配列に対して、解析ソフトウェアQIIMEを用いて、キメラチェック及び97%以上の配列相同性でOperational Taxonomic Units (OTUs)の作成を行ったところ、合わせて4,228,180本、サンプルあたり平均8,636本の配列が得られた。さらに系統解析を行い、各サンプルの細菌組成データを得た。続いて加齢に伴う各細菌群の変化について明らかにすべく、スペアマンの順位相関解析を行った。門レベルではProteobacteriaが加齢に伴い増加し、Actinobacteriaが減少する傾向が見られた。科レベルでは、Enterobacteriaceae($\rho = 0.2254^{**}$)、Clostridiaceae($\rho = 0.1257^{**}$)、Peptostreptococcaceae($\rho = 0.1066^*$)は加齢に伴い有意に増加するのに対し、Bifidobacteriaceae($\rho = -0.3349^{**}$)、Coriobacteriaceae($\rho = -0.1289^{**}$)は有意に減少することが明らかとなった($^{**}p < 0.05$, $^*p < 0.01$)。またPrevotellaceae、Veillonellaceaeも減少する傾向が見られた。続いて多様度解析を行った。Observed speciesと年齢との相関を調べたところ、児童から成人にかけては多様性が増加するのに対し、成人から高齢者にかけては減少する傾向が見られた。主成分分析及びクラスタリングを行ったところ、アジア人の腸内細菌叢はBifidobacteriaceaeとBacteroidaceaeを多く持つBB-typeと、Prevotellaceaeを多く持つP-typeに分けられることが分かった。しかしこれらのクラスターは高齢者でははっきりとは見られず、クラスターの確かさを表すPrediction strengthは児童0.94、成人0.89、高齢者0.75と減少する傾向が見られた。これらの変化の原因及び影響は大変興味深く、より詳細な解析が望まれる。

gut microbiota, 16S rRNA, aging