

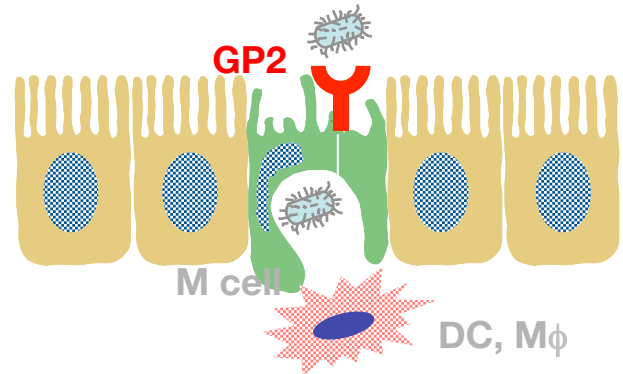
研究テーマ：腸環境システムの研究

私達の腸管内には500種類以上、総数100兆個以上もの細菌が共生しており、これらを腸内フローラと呼びます。腸内フローラは、私達のからだを構成する体細胞数の60-70兆個を凌駕しており、独自の代謝系を構築して私達の生理や病理に大きな影響を与えています。さらに、また、食物や飲水とともに病原微生物が侵入してくると、感染症に離間することもあります。私たちのからだは腸内フローラの共生や病原微生物の侵入を無条件に許しているわけではなく、腸内の微生物の種類や数を察知してそれに対して腸管免疫系が働くことで、それらを排除しようとしています。

私たちの研究グループは、この腸内微生物の認識のメカニズムや、宿主と腸内フローラの相互作用による腸環境システムが私たちの生理・病理に及ぼす影響のメカニズムを研究しています。

1. 腸管内の微生物を認識する特殊な腸管上皮細胞、M細胞の機能と分化の研究

M細胞は、腸内の微生物などの巨大な抗原を取り込んで腸管免疫系に受け渡す、抗原取り込みに特化した特殊な腸管上皮細胞ですが、その分子レベルでの研究は最近まで立ち遅れていました。私たちは、網羅的な遺伝子発現解析であるトランスクリプトームなどの最新の研究手法を用いて、M細胞の機能や分化の分子メカニズムを研究し、以下の様な成果をあげています。

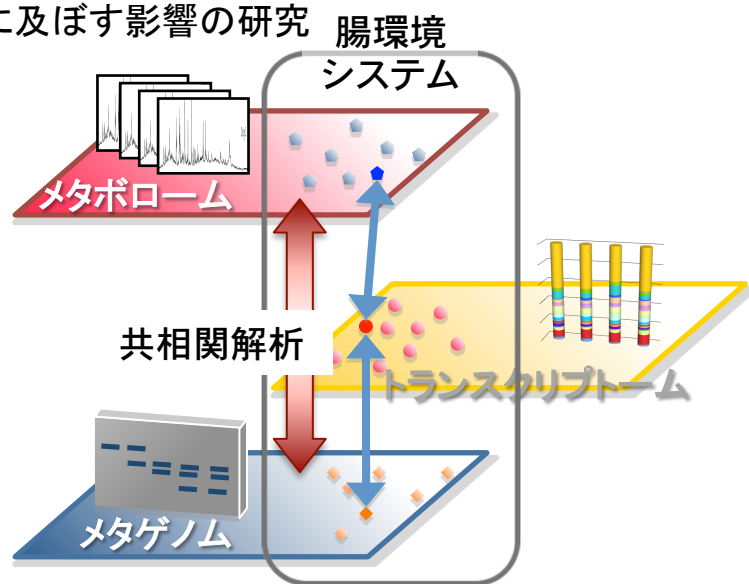


M細胞に発現する細菌受容体GP2の発見・・・ Hase et al., Nature 2009

細胞分化に必須の転写因子Spi-Bを発見・・・ Kanaya et al., Nat. Immunol. 2012

2. 腸環境システムが宿主の生理・病理に及ぼす影響の研究

最近まで腸環境システムを研究する良い手法はありませんでした。私たちは、上述のトランスクリプトームに加え、網羅的な腸内フローラ遺伝子配列解析であるメタゲノム、網羅的な低分子量代謝物解析であるメタボロームなどの網羅的解析を組み合わせた統合オミクス解析手法の有用性にいち早く着目し、本手法を腸環境システム研究に応用することで、腸環境システムが生体防御・腸管免疫系の発達に及ぼす影響の分子メカニズムを解明しています。



ビフィズス菌によるマウスO157感染死予防メカニズムの解明

・・・ Fukuda et al., Nature 2011

腸内細菌が産生する酪酸による制御性T細胞分化誘導の発見

・・・ Furusawa et al., Nature 2013