

第 363 回松本歯科大学大学院セミナー

日 時: 2017 年 7 月 13 日(木) 17 時 30 分～19 時 00 分

場 所: 実習館 2 階 総合歯科医学研究所セミナー室

演 者: 谷口 誠 氏

(口腔常在微生物叢解析センター・管理者)

タイトル: 口腔細菌叢のクリニカルメタゲノミクス ～臨床応用とその可能性～

口腔内は 500-700 種におよぶ細菌が生息すると考えられており、唾液やプラーク、歯周ポケット、さらには感染根管など様々な部位で独自の細菌叢が形成されている。これまでの培養やリアルタイム PCR 法を中心とする細菌検出法では、これら細菌組成を詳細に把握することは不可能であった。近年、次世代シーケンサーの開発によって、分離培養を行うことなく細菌群集から抽出したゲノム DNA の混合物(メタゲノム)を、網羅的にシーケンス(塩基配列取得)し細菌組成を推定する手法”メタゲノム解析・メタ 16S 解析”が可能となり、特に腸内細菌叢の研究が急速に加速している。この技術の歯科医学への応用は、口腔細菌叢と歯・口腔や全身との関連を明らかにしうるだけでなく、歯周ポケットや感染根管などの詳細な細菌組成の把握を可能にし、従来の歯科治療を大きく変える可能性がある。

メタゲノム解析で読み解く口腔細菌叢の世界は、これまでの想像を遥かに超える複雑で多様な細菌組成を示しており、本手法を歯科臨床で応用することの意義は大きい。そして、臨床の場で解析を行うことで、症状の変化や治療に伴うダイナミックな細菌叢変化をとらえられ、有効な治療法・薬剤の検討、発症リスクの評価などに活用できる基礎データとなる。

本セミナーではメタゲノム解析の原理をはじめ、臨床で得られるデータの解析例、そして将来に向けた展望についてご紹介する。

学 歴

2001 年 香川県立高松高等学校卒業

2007 年 昭和大学歯学部卒業

2011 年 昭和大学大学院歯学研究科卒業 博士(歯学)

同年 昭和大学歯学部口腔微生物学講座 助教

*Matsumoto Dental University
Graduate School of Oral Medicine*

1780 Gobara, Hirooka, Shiojiri,
Nagano 399-0781, Japan

2013年 昭和大学退職
同年 谷口歯科医院勤務
2014年 口腔常在微生物叢解析センター 開設
同年 次世代シーケンサーMiSeq 導入
現在にいたる

受賞

2015年 日本口腔検査学会 優秀発表賞
2016年 次世代シーケンサーシンポジウム 優秀発表賞
歯界展望 2015年11月号特集 口腔細菌叢のメタゲノム解析
2016年5月号～現在連載 口腔細菌叢のメタゲノム解析

担当:健康増進口腔科学講座 小笠原正