
第 384 回松本歯科大学大学院セミナー

日 時: 2019 年 2 月 20 日(水) 17 時 30 分~19 時 00 分

場 所: 実習館 2 階研究所セミナー室

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: 次世代シーケンスによる様々な解析法

どのような分析ができ、どのような結果が得られるか?

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”が可能となった。特に腸内細菌叢の研究が盛んであり、歯科医学への応用も始まっている。この研究が進められることにより、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。しかし、次世代シーケンサーを活用したメタゲノム解析はこれまでに行われていた細菌学の研究ではほとんど扱わなかった多量で複雑なデータを対象とし、そのデータの扱いが新たな課題となっている。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、そして細菌叢解析で用いられている代表的な解析手法について紹介する。

略 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

2013 年 昭和大学退職

同年 谷口歯科医院 勤務

*Matsumoto Dental University
Graduate School of Oral Medicine*

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

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～2018 年 6 月 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