

受賞総説

ヒト常在細菌の分類学的研究とバイオリソース整備 (2025年度日本微生物資源学会賞受賞)

坂本光央

国立研究開発法人理化学研究所バイオリソース研究センター微生物材料開発室
〒305-0074 茨城県つくば市高野台3-1-1

Taxonomic studies and bioresource development of human commensal bacteria

Mitsuo Sakamoto

Microbe Division / Japan Collection of Microorganisms, RIKEN BioResource Research Center (RIKEN JCM)
3-1-1 Koyadai, Tsukuba, Ibaraki 305-0074, Japan

はじめに

ヒトの体表および体内には、多種多様な常在細菌が共生しており、これらの微生物群集（マイクロバイオーーム）は、ヒトの健康や疾患に深く関与していることが明らかになりつつある。腸内細菌叢をはじめとするヒトマイクロバイオーーム研究は近年飛躍的に進展し、がん、免疫疾患、代謝性疾患、精神疾患など、さまざまな病態との関連が報告されている（石川, 2023; Sepich-Poore *et al.*, 2021; Webster *et al.*, 2024）。しかし、その解析の多くは16S rRNA 遺伝子シーケンスやメタゲノム解析に基づいており、同定される多くの細菌は分類学的に未記載である、あるいは基準株が存在しないなど、培養株に基づいた正確な分類・機能解析が困難な状況にある。

このような背景の下、本研究ではヒトに常在する微生物を対象として、分離培養と分類学的解析を通じた体系的なバイオリソース整備を進めてきた。特に、未記載種の発見と新種記載、そしてそれらの基準株を、日本の主要な微生物保存機関である Japan Collection of Microorganisms (JCM) において保存・公開することで、国内外の研究者に向けた信頼性の高い資源提供を実現している。

本研究は、理化学研究所バイオリソース研究センター（RIKEN BRC）のミッションの一環として実施されており、単なる微生物の収集・保存にとどまらず、分類学的知見に基づいたリソース価値の最大化、ならびに医療・生命科学分野への波及的貢献を目指している。特に、マイクロバイオーーム研究の発展とともに

に、質の高い参照株の整備はその基盤インフラとして不可欠であり、われわれの取り組みは国際的にも先駆的な意義をもつと考えている。

本稿では、これまでに実施してきたヒト常在細菌の分離・分類・保存に関する研究成果を総括し、その科学的意義、リソースとしての価値、さらに今後の展望について述べてみたい。

1. ヒト常在細菌の分離

ヒト常在細菌の分類学的理解を深め、研究用バイオリソースとしての整備を進めるには、まずその分離培養が不可欠である。特に、ヒトマイクロバイオーームのなかには未培養あるいは難培養とされる細菌が多数存在しており、これらの分離と保存は、微生物分類学・生態学の観点からだけでなく、将来的な医療・健康分野への応用においても大きな意義をもつ。

本研究の端緒となったのは、2015年に公益財団法人発酵研究所（IFO）一般研究助成に採択された研究提案である。この助成を受けて、ヒト腸内環境を考慮した分離培養法—たとえばメンブレンフィルター法や交差画線培養法（Tanaka & Benno, 2015; Vartoukian *et al.*, 2016）—を活用し（図1）、菌株の分離に着手した。さらに、翌2016年には日本医療研究開発機構（AMED）による革新的先端研究開発事業にも採択され、これを機に本格的かつ体系的な難培養性細菌の分離プロジェクトを展開するにいたった。

分離対象としたのは、主として健康成人の糞便由来の腸内細菌群であり、従来の標準培養法では分離困難とされた菌種なども対象とした。分離に際しては、ヒト腸内環境を模倣した培地の工夫、多様な栄養条件の

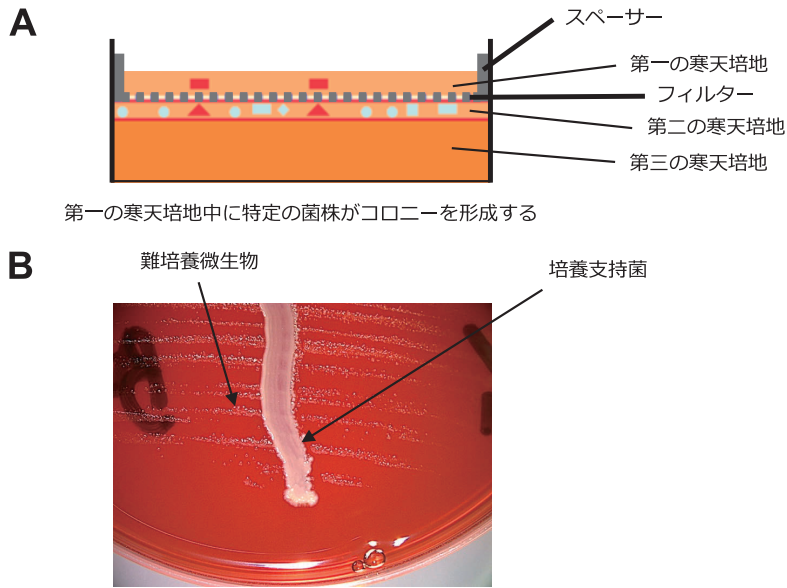


図1 腸内環境を考慮した分離培養法
A: メンブレンフィルター法, B: 交差画線培養法



図2 液液共培養法
市販の共培養容器を用いて難培養性細菌を分離した。

設定、嫌気性チャンバーの活用、ならびに長期培養やコロニー形成促進因子の検討など、さまざまな技術的工夫を重ねた。

また近年では、液液共培養法 (liquid-liquid co-culture method) (図2) を導入することで、単独では増殖が困難であった極小サイズの難培養性細菌の分離にも成功した。この手法では、フィルターで分画された小型細胞画分を支持菌 (例: *Bacteroides thetaiotaomicron*, *Escherichia coli*) と共培養することにより、*Waltera intestinalis* や *Waltera acetigignens* (Sakamoto *et al.*, 2024), *Roseburia* 属などの菌株を新たに分離することができた (久富ら, 2024; Hisatomi *et al.*,

2025)。特に、支持菌が生産するインドール、シトルリン、3-(4-ヒドロキシフェニル) プロピオン酸などの代謝産物が、これらの難培養性細菌の生育を促進することが示され、共生的な代謝支持に基づく分離培養の新展開として注目される。

得られた分離株については、16S rRNA 遺伝子配列に基づく初期分類、系統解析、形態・生理学的特徴の把握を行い、新種記載を視野に入れた詳細な分類学的解析を進めた。同時に、それらの菌株を JCM に寄託することで、他研究者による利活用を可能とし、ヒト腸内常在菌の研究を支えるバイオリソースとして整備を図った (表1)。詳細は総説 (坂本, 2023) を参照さ

表1 自己開発した主な常在細菌リソース

菌種名	基準株	発表論文
<i>Adlercreutzia hattorii</i>	JCM 34083 ^T	Sakamoto <i>et al.</i> , 2021b
<i>Alistipes communis</i>	JCM 32850 ^T	Sakamoto <i>et al.</i> , 2020a
<i>Alistipes dispar</i>	JCM 32848 ^T	Sakamoto <i>et al.</i> , 2020a
<i>Alistipes onderdonkii</i> subsp. <i>vulgaris</i>	JCM 32839 ^T	Sakamoto <i>et al.</i> , 2020a
<i>Amedibacterium intestinale</i>	JCM 33778 ^T	Ikeyama <i>et al.</i> , 2020
<i>Coprobacter secundus</i> subsp. <i>similis</i>	JCM 34079 ^T	Sakamoto <i>et al.</i> , 2021a
<i>Dialister hominis</i>	JCM 33369 ^T	Sakamoto <i>et al.</i> , 2020b
<i>Faecalimonas umbilicata</i>	JCM 30896 ^T	Sakamoto <i>et al.</i> , 2017
<i>Lawsonibacter asaccharolyticus</i>	JCM 32166 ^T	Sakamoto <i>et al.</i> , 2018b
<i>Mesosutterella multiformis</i>	JCM 32464 ^T	Sakamoto <i>et al.</i> , 2018c
<i>Parolsenella catena</i>	JCM 31932 ^T	Sakamoto <i>et al.</i> , 2018a
<i>Solibaculum mannosilyticum</i>	JCM 34081 ^T	Sakamoto <i>et al.</i> , 2021a
<i>Sutterella megalosphaeroides</i>	JCM 32470 ^T	Sakamoto <i>et al.</i> , 2018c

りたい。

これらの研究成果は、国際誌への新種記載論文として発表されただけでなく、国内外の研究者にバイオリソースとして供給され、後続研究にも活用されている点で大きな波及効果をもたらした。

このように、本研究は外部助成による先進的な取り組みをきっかけとして、研究成果をJCMのリソース整備業務に直結させ、科学的知見と社会的基盤の両面で貢献することを目指した点に特徴がある。特に、難培養性細菌に関する新たな分離技術の蓄積と、それに基づく資源の可視化・共有は、マイクロバイオーム研究や次世代の医療応用研究における重要なインフラとなるものである。

2. 新種記載と分類体系への貢献 (*Faecalibacterium* 属の再分類を例に)

ヒト常在細菌の多くは、マイクロバイオーム研究において重要な役割を果たしているにもかかわらず、分類体系上では未記載あるいは不明瞭なままであることが少なくない。特に、16S rRNA 遺伝子に基づく従来の分類では、種の細分化や近縁種との違いを明確に捉えきれない場合が多く、分類の曖昧さが残されたままであった。こうした問題を解消し、信頼性の高い微生物リソースの整備を進めるためには、ゲノムベースの分類体系の導入と新種の正確な記載が不可欠である。

本研究では、ヒト腸内に常在し、抗炎症性短鎖脂肪酸である酪酸を産生することで知られる *Faecalibacterium* 属に注目した。特に、炎症性腸疾患 (IBD) やうつ病との関連で注目されてきた *Faecalibacterium prausnitzii* の代表株とされる A2-165 株 (JCM 31915) が、基準株 ATCC 27768 とゲノム・表現型の両面で顕著に異なることが明らかとなり、分類の見直しが求められていた (Fitzgerald *et al.*, 2018; Lopez-Siles *et al.*, 2017)。

そこで、A2-165 株を含む複数の既存株および新規

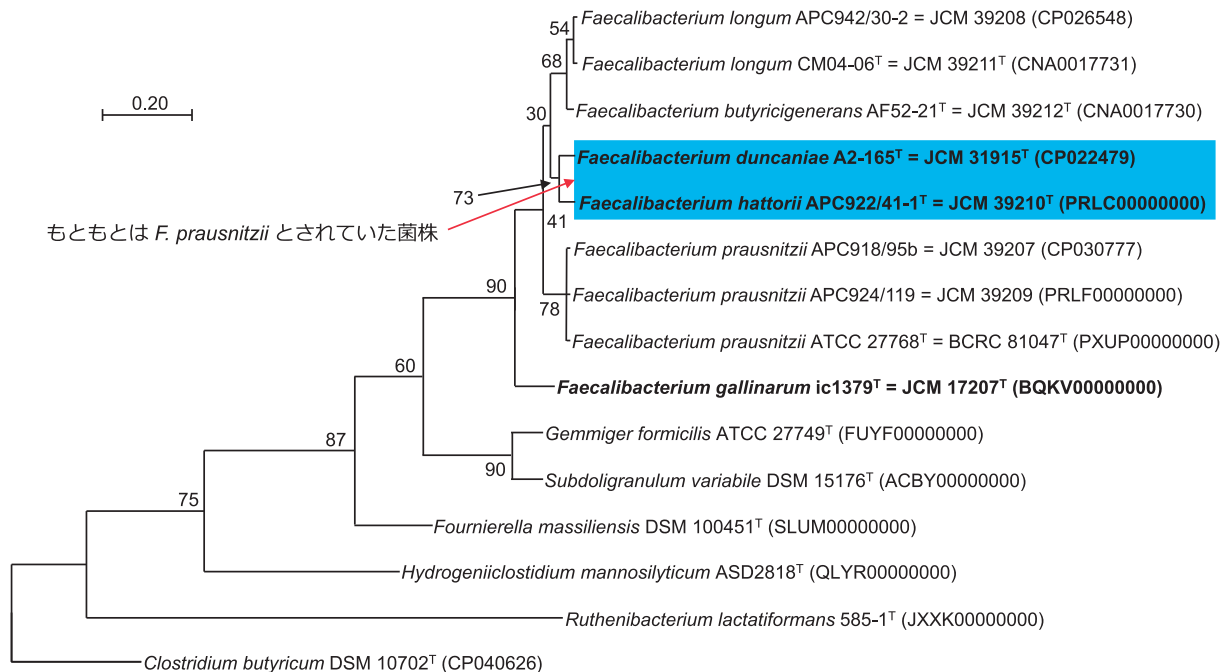
分離株に対し、ゲノム解析、表現型解析、化学分類学的特徴を総合的に解析した結果、平均スクレオチド同一性 (ANI) やデジタル DNA-DNA ハイブリダイゼーション (dDDH) などのゲノムベースの分類指標に基づき、以下の3種を新種として記載するにいたった (Sakamoto *et al.*, 2022) : *Faecalibacterium duncaniae* (基準株 : JCM 31915^T = DSM 17677^T = A2-165^T)、*Faecalibacterium hattorii* (基準株 : JCM 39210^T = DSM 107841^T = APC922/41-1^T)、および *Faecalibacterium gallinarum* (基準株 : JCM 17207^T = DSM 23680^T = ic1379^T) である (図3)。

この分類学的整理により、従来は単一種とされていた *F. prausnitzii* 群のなかに多様な系統が存在することが明確となり、機能的多様性の理解にも資する精緻な分類体系が構築された。また、記載された3種の基準株はすべてJCMに寄託されており、今後の研究における信頼性の高い参照資源として広く活用されることが期待される。特に *F. duncaniae* (A2-165 株) は、これまで多くのマイクロバイオーム研究で *F. prausnitzii* の代表株として扱われてきた経緯があり、今回の再分類によって、その名称と分類体系が明確化されたことは、既存研究の再評価や再現性の確保に大きく寄与するものである。

今後は、本研究で得られた知見を基盤として、他のヒト常在細菌群についても同様のゲノムベースによる再分類が期待される。JCMでは、これらの成果を踏まえ、保有株の分類情報の更新と基準株の拡充を進めており、微生物分類学とバイオリソース整備の両面において、より高度な基盤の構築に貢献していく所存である。

3. 疾患・健康との関連

ヒト常在細菌は、消化機能、免疫制御、神経系の恒常性など多様な生理機能に関与することが知られており、そのバランスの破綻は、IBD、肥満・糖尿病など

図3 *Faecalibacterium* 属の再分類

系統樹はゲノム情報に基づき作成した (Sakamoto *et al.*, 2022 を基に改変). 新種記載された3種を太字で示した.

の代謝性疾患, アレルギー・自己免疫疾患, さらに精神疾患を含む多様な疾患との関連が指摘されている. マイクロバイオーム研究の進展に伴い, これらの関連の機序解明と制御に資する「モデル菌株」の整備と公開が急務となっている.

本研究で分離・記載された菌株のなかには, マイクロバイオーム研究で注目されているものがいくつか存在する. 特に以下の菌株が挙げられる.

1) *Akkermansia muciniphila* JCM 30893

腸内粘液層を分解する能力を有する *Verrucomicrobiota* 門の代表的菌種であり, 糖尿病や肥満との逆相関が複数の臨床研究で報告されている (Dao *et al.*, 2016). 本株は, 国内由来糞便からの分離に成功した菌株であり, 日本人を対象としたマイクロバイオーム研究における比較解析や, 食品・医薬品分野での応用研究に資するリファレンスとして位置づけられている.

2) *Blautia wexlerae* JCM 35486

この菌種も近年, 糖尿病との関連や腸内環境における短鎖脂肪酸産生との関係で注目されており (Hosomi *et al.*, 2022), JCMにおいて国内由来株が整備されている. ゲノム解析・代謝産物プロファイルの解析を通じて, 腸内細菌による代謝制御の理解を深める基盤となっている.

3) *F. duncaniae* JCM 31915^T

前述したように, 従来は *F. prausnitzii* として広く用いられていた代表的な酪酸産生菌であり, 抗炎症作用をもつ腸内細菌として, IBDにおける減少が報告

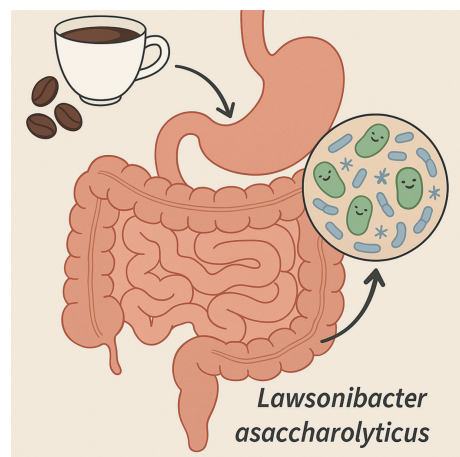


図4 コーヒーが腸内環境に与える影響
Lawsonibacter asaccharolyticus の増加.

されてきた (Sokol *et al.*, 2008). 近年の分類学的再評価により, 本株は *F. prausnitzii* とは明確に区別される新種 *F. duncaniae* として再分類された (Sakamoto *et al.*, 2022). この再分類は, これまで一括りにされてきた菌群の機能的多様性や疾患関連性をより精緻に捉えるうえで重要な進展である.

4) *Lawsonibacter asaccharolyticus* JCM 32166^T

L. asaccharolyticus (Sakamoto *et al.*, 2018b) は, コーヒー摂取によって腸内で顕著に増える酪酸産生菌 (図4) として注目されており (Manghi *et al.*, 2024),

コーヒーが健康に良い影響を与える仕組みの一部を担っている可能性のある腸内細菌として、今後の研究が期待されている。

これらの例に見られるように、JCMが整備・公開してきたヒト常在細菌株は、単なる分類学的資源にとどまらず、疾患メカニズムの解明や、予防・診断・治療への応用研究においても、国際的に利用されている。今後は、こうした機能的意義の裏付けとなる「フェノタイプ情報」や「ゲノム・メタボロームデータ」の付加・統合が進められることで、リソースの価値はさらに高まると期待される。

4. 国際的バイオリソース基盤としての役割

ヒト常在細菌の分類学的研究とバイオリソース整備は、国内外のマイクロバイーム研究を支える基盤として、国際的にも重要な役割を果たしている。とりわけ、筆者が所属するJCMは、国際標準に準拠した微生物株の保存・提供機関として、ヒト腸内細菌を含む多様な嫌気性細菌の分離・分類・保存・提供において中心的な地位を占めている。

筆者は、国際原核生物命名委員会 (International Committee on Systematics of Prokaryotes, ICSP) の委員として、国際原核生物命名規約 (International Code of Nomenclature of Prokaryotes, ICNP) の運用と改訂にかかわっており、「有効に発表された名称」および「正当な名称」として認められる菌種の基準作りにも関与している。この立場を生かし、JCMに登録されたヒト常在菌株が命名における基準株として国際的に認知されるよう、分類体系の整備とリソース構築を両輪で推進している。

たとえば、*F. dunclaniae* (Sakamoto *et al.*, 2022)、*L. asaccharolyticus* (Sakamoto *et al.*, 2018b)、*Parolosenella catena* (Sakamoto *et al.*, 2018a)などは、JCMに保存された菌株が基準株として記載され、IJSEM誌 (International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology) において命名が有効化されている。これは、単に分類学的貢献にとどまらず、ゲノム・機能・疾患関連性を含む総合的な研究のための信頼性ある基盤となっている。

JCMで保存・提供されているヒト腸内細菌株は、欧米・アジア諸国のマイクロバイーム研究機関との共同研究にも提供されており、国際比較研究・プロバイオティクス開発・疾患メカニズム解明など、多様な分野で活用されている。JCMはWFCC (World Federation for Culture Collections) といった国際的なカルチャーコレクションネットワークにも参加しており、世界的な微生物資源の可用性向上に貢献している。

近年では、分離株に対応する高品質ゲノムデータ

(Ikeyama *et al.*, 2019; Ogata *et al.*, 2019, 2020a, 2020b, 2021a, 2021b, 2021c; Sakamoto *et al.*, 2018d, 2018e, 2020c) の整備と公開も進めており、NCBIやDDBJにおけるシーケンス登録を通じて、デジタルバイオリソースとしての役割も担いつつある。

筆者の分類学的研究とバイオリソース整備は、日本発のヒト腸内細菌株を世界の研究者にとってアクセス可能かつ信頼性の高いリソースとすることを目指してきた。その結果、JCMはヒト常在細菌のグローバルスタンダードを提供する基盤機関としての役割を果たしており、本研究がその基礎を築いたことは、科学的・社会的にも大きな意義をもつと考えられる。

5. 本研究の独自性・先駆性

本研究は、ヒト常在細菌、とりわけ腸内に生息する嫌気性で難培養性の細菌群に焦点を当て、その分離・分類・記載・リソース化において世界に先駆けた成果を挙げた点で、他に類を見ない独自性と先駆性を有する。

本研究では、2015年以降の取り組みにおいて、多数の新種・新属を国内ヒト糞便由来の試料から世界で初めて分離・記載した。これらの菌種のいくつかは、疾患との関連が示唆されるマイクロバイーム解析において主要な存在でありながら、それまで培養株としては未分離であり、遺伝子配列の解析のみに頼っていた学術的な空白を埋める画期的成果であった。

これらの菌種の分離には、従来法では培養困難とされた高嫌気性・特殊栄養要求性をもつ菌群に対応するための改良培地の設計や、選択的前処理法、コロニー形成技術、長期間培養など、培養技術上の多くの工夫がなされている。分離された菌株を、JCMを含む微生物保存機関から安定提供可能にした点は技術的にも大きなブレイクスルーである。

本研究では、単発的な新種記載にとどまらず、取得された膨大な菌株に対して16S rRNA遺伝子配列解析、ゲノム解析、フェノタイプ評価 (生化学性状、菌体脂肪酸組成など) を統合的に行い、同一属内の種間関係の再評価や分類体系の再構築に貢献している。第2節で詳細に述べた *Faecalibacterium* 属の再分類 (Sakamoto *et al.*, 2022) はその好例であり、従来「*F. prausnitzii*」と一括されていた機能的に多様な菌群を、3新種として明確に分類した点は、腸内細菌の理解を大きく進展させた。

分離株はすべてJCMに登録・保存され、ゲノムデータやフェノタイプ情報の付与とともに一般研究者に提供可能な状態に整備された。この整備体制により、これらの菌株は分類学的研究のみならず、疾患研究、プロバイオティクス開発、マイクロバイーム機能解明など、基礎から応用まで幅広い研究に利用され、単なる分離・記載にとどまらない「橋渡しの役割」

を果たしている。

これらの要素を通じて、本研究は「分類学的深度」と「実用的意義」の双方を備えた独自の研究領域を切り開いたものとして、高く評価されている。

6. 今後の展望

本研究を通じて、ヒト常在細菌の体系的な分類とバイオリソース整備に一定の成果を上げることができたが、マイクロバイーム研究の進展に伴い、解決すべき多くの課題が見つまっている。

次世代シーケンサーの普及により、ヒト腸内をはじめとするマイクロバイームからは、膨大な数の「機能未知な未培養微生物 (microbial dark matter)」が検出されている。これらは分類体系に取り込まれていないだけでなく、機能的にも未知のままであり、その実体解明はマイクロバイーム研究の次なるフロンティアである。

今後は、これらの未培養細菌群に対し、メタゲノム情報や MAGs (metagenome-assembled genomes) に基づく標的培養法 (targeted cultivation)、液液共培養法やハイスループット培養技術を組み合わせ、その実体を捉えるアプローチが求められる。筆者らがこれまでに蓄積してきた嫌気性細菌の分離培養技術は、こうしたチャレンジを支える基盤技術として応用可能である。

培養によって取得された参照株は、メタゲノム配列の分類・機能アノテーションの基準点としてきわめて重要であり、*in silico* 情報との連携により、より信頼性の高いマイクロバイーム解析が実現する。今後は、Genome Taxonomy Database (GTDB) などのゲノムベースの新分類体系との連携、MAGs との照合、表現型情報の統合により、分離株を中核とした次世代型の分類学的枠組みの構築に寄与していきたい。

加えて、分離・整備された菌株のなかには、抗炎症作用、免疫調節作用、代謝改善効果など、ヒトの健康維持に資する機能を有するものもあり、これらはプロバイオティクスや生きた生物学的製剤 (live biotherapeutics product, LBP) としての応用が期待される。また、特定の疾患に関連するマイクロバイームの変化を捉える診断マーカーや、個別化医療の基盤資源としての展開も視野に入る。

微生物分類学そのものも、表現型に依存した古典的手法から、ゲノム情報、進化系統、生態的背景を統合する包括的体系へと進化しつつある。こうした時代の潮流において、筆者が所属する JCM の果たすべき役割はますます重要となっている。筆者は、ICSP の委員として国際的な分類体系の整備にも参画しつつ、世界標準となる信頼性の高い参照株の整備・維持・公開を通じて、今後も国際的な分類学および微生物資源科学の発展に貢献していきたいと考えている。

おわりに

本研究は、ヒト常在細菌の分離・分類と、それらの信頼性の高いバイオリソースとしての整備・提供を一体的に推進する取り組みであった。その成果は、新種記載論文の蓄積を通じて分類体系に貢献するとともに、微生物資源の国際的整備とその活用の基盤を形成している。

得られた分離株は、分類学的知見を深めるだけでなく、医療、健康、食、創薬など多様な応用分野に資するリソースとして期待される。「誰もがアクセスできる信頼性の高いヒト常在菌リソース」を整備・公開することで、国内外の研究者による利活用を促進し、国際的なマイクロバイーム研究の共通基盤としての役割を果たしていくことが望まれる。

今後も、未培養細菌の実体解明とそのリソース化に向けて、分類学とバイオリソース科学の視点を両軸に据えた研究を継続し、日本発の微生物研究が世界の科学と社会に貢献し続けることを目指していきたい。

謝辞

本研究の遂行にあたり、多くの方々のご協力とご支援を賜りました。

まず、ヒト常在細菌の分離・分類・同定において貴重な知見と協力をいただいた共同研究者の皆様、ならびに試料の提供や分離株の寄託を通じて研究に貢献いただいた多くの研究者・寄託者の方々に深く感謝申し上げます。

また、日常的な培養・保存・解析業務を支え、品質の高い微生物資源の整備・維持に尽力いただいた JCM の技術支援スタッフの皆様を中心に御礼申し上げます。とりわけ、長期にわたって、日々の業務において高い専門性と献身をもって支えてくださった櫻井直美さんには、特別の謝意を表します。

さらに、日本微生物資源学会の活動を通じて得られた交流や情報は、本研究の進展に少なからず寄与しました。加えて、本研究に対して学会賞をいただいたことは、大きな励みとなりました。ここに改めて深く感謝申し上げます。

本研究の一部は、公益財団法人発酵研究所 (2015 年度一般研究助成) および国立研究開発法人日本医療研究開発機構 (AMED) 革新的先端研究開発事業 (2016 年度～) の助成を受けて実施されました。これらの資金的支援があつてこそ、本研究は大きく発展することができました。

ここに記しきれない多くの関係者の方々にも、この場を借りて厚く御礼申し上げます。

最後に、長年にわたり、自由な研究生活を温かく支えてくれた妻・和加子に、心より感謝の意を表します。

文 献

- Dao, M.C., Everard, A., Aron-Wisnewsky, J., Sokolovska, N., Prifti, E., Verger, E.O., *et al.* 2016. *Akkermansia muciniphila* and improved metabolic health during a dietary intervention in obesity: relationship with gut microbiome richness and ecology. *Gut*. **65**: 426-436.
- Fitzgerald, C.B., Shkoporov, A.N., Sutton, T.D.S., Chaplin, A.V., Velayudhan, V., Ross, R.P., *et al.* 2018. Comparative analysis of *Faecalibacterium prausnitzii* genomes shows a high level of genome plasticity and warrants separation into new species-level taxa. *BMC Genomics* **19**: 931.
- 久富 敦, 大熊盛也, 坂本光央 2024. 液液共培養法による腸内細菌の分離と同定. *Microb. Resour. Syst.* **40**: 39-45.
- Hisatomi, A., Yoshida, T., Hasunuma, T., Ohkuma, M. & Sakamoto, M. 2025. Difficult-to-culture microorganisms specifically isolated using the liquid-liquid co-culture method - towards the identification of bacterial species and metabolites supporting their growth. *Microbiology* **171**: 001581.
- Hosomi, K., Saito, M., Park, J., Murakami, H., Shibata, N., Ando, M., *et al.* 2022. Oral administration of *Blautia wexlerae* ameliorates obesity and type 2 diabetes via metabolic remodeling of the gut microbiota. *Nat. Commun.* **13**: 4477.
- Ikeyama, N., Ohkuma, M. & Sakamoto, M. 2019. Draft genome sequence of *Mesosutterella multififormis* JCM 32464^T, a member of the family *Sutterellaceae*, isolated from human feces. *Microbiol. Resour. Announc.* **8**: e00478-19.
- Ikeyama, N., Toyoda, A., Morohoshi, S., Kunihiro, T., Murakami, T., Mori, H., *et al.* 2020. *Amedibacterium intestinale* gen. nov., sp. nov., isolated from human faeces, and reclassification of *Eubacterium dolichum* Moore *et al.* 1976 (Approved Lists 1980) as *Amedibacillus dolichus* gen. nov., comb. nov. *Int. J. Syst. Evol. Microbiol.* **70**: 3656-3664.
- 石川 大 2023. 便移植の現状と展開—難病へのマイクロバイオーム医療確立を目指して—. *生化学* **95**: 490-497.
- Lopez-Siles, M., Duncan, S.H., Garcia-Gil, L.J. & Martine-Medina, M. 2017. *Faecalibacterium prausnitzii*: from microbiology to diagnostics and prognostics. *ISME J.* **11**: 841-852.
- Manghi, P., Bhosle, A., Wang, K., Marconi, R., Selma-Royo, M., Ricci, L., *et al.* 2024. Coffee consumption is associated with intestinal *Lawsonibacter asaccharolyticus* abundance and prevalence across multiple cohorts. *Nat. Microbiol.* **9**: 3120-3134.
- Ogata, Y., Suda, W., Ikeyama, N., Hattori, M., Ohkuma, M. & Sakamoto, M. 2019. Complete genome sequence of *Phascolarctobacterium faecium* JCM 30894, a succinate-utilizing bacterium isolated from human feces. *Microbiol. Resour. Announc.* **8**: e01487-18.
- Ogata, Y., Sakamoto, M., Ohkuma, M., Hattori, M. & Suda, W. 2020a. Complete genome sequence of *Akkermansia muciniphila* JCM 30893, isolated from feces of a healthy Japanese male. *Microbiol. Resour. Announc.* **9**: e01543-19.
- Ogata, Y., Sakamoto, M., Ohkuma, M., Hattori, M. & Suda, W. 2020b. Complete genome sequence of *Adlercreutzia* sp. strain 8FCFBH1, a potent producer of equol, isolated from healthy Japanese feces. *Microbiol. Resour. Announc.* **9**: e01240-20.
- Ogata, Y., Sakamoto, M., Ohkuma, M., Hattori, M. & Suda, W. 2021a. Complete genome sequence of *Alistipes indistinctus* strain 2BBH45, isolated from healthy Japanese feces. *Microbiol. Resour. Announc.* **10**: e01284-20.
- Ogata, Y., Sakamoto, M., Ohkuma, M., Hattori, M. & Suda, W. 2021b. Complete genome sequence of *Longicatena caecimuris* strain 3BBH23, isolated from healthy Japanese feces. *Microbiol. Resour. Announc.* **10**: e00282-21.
- Ogata, Y., Sakamoto, M., Kumar, N., Ohkuma, M., Hattori, M. & Suda, W. 2021c. Complete genome sequence of *Megamonas funiformis* strain 1CBH44 isolated from human feces. *Microbiol. Resour. Announc.* **10**: e00785-21.
- 坂本光央 2023. ヒト腸内からの新規微生物の分離. *Microb. Resour. Syst.* **39**: 3-10.
- Sakamoto, M., Iino, T. & Ohkuma, M. 2017. *Faecalimonas umbilicata* gen. nov., sp. nov., isolated from human faeces, and reclassification of *Eubacterium contortum*, *Eubacterium fissicatena* and *Clostridium oroticum* as *Faecalicatena contorta* gen. nov., comb. nov., *Faecalicatena fissicatena* comb. nov. and *Faecalicatena orotica* comb. nov. *Int. J. Syst. Evol. Microbiol.* **67**: 1219-1227.
- Sakamoto, M., Iino, T., Hamada, M. & Ohkuma, M. 2018a. *Parolsenella catena* gen. nov., sp. nov., isolated from human faeces. *Int. J. Syst. Evol. Microbiol.* **68**: 1165-1172.
- Sakamoto, M., Iino, T., Yuki, M. & Ohkuma, M. 2018b. *Lawsonibacter asaccharolyticus* gen. nov., sp. nov., a butyrate-producing bacterium isolated

- from human faeces. *Int. J. Syst. Evol. Microbiol.* **68**: 2074–2081.
- Sakamoto, M., Ikeyama, N., Kunihiro, T., Iino, T., Yuki, M. & Ohkuma, M. 2018c. *Mesosutterella multiformis* gen. nov., sp. nov., a member of the family *Sutterellaceae* and *Sutterella megalosphaeroides* sp. nov., isolated from human faeces. *Int. J. Syst. Evol. Microbiol.* **68**: 3942–3950.
- Sakamoto, M., Ikeyama, N., Yuki, M. & Ohkuma, M. 2018d. Draft genome sequence of *Lawsonibacter asaccharolyticus* JCM 32166^T, a butyrate-producing bacterium, isolated from human feces. *Genome Announc.* **6**: e00563–18.
- Sakamoto, M., Ikeyama, N., Yuki, M. & Ohkuma, M. 2018e. Draft genome sequence of *Faecalimonas umbilicata* JCM 30896^T, an acetate-producing bacterium isolated from human feces. *Microbiol. Resour. Announc.* **7**: e01091–18.
- Sakamoto, M., Ikeyama, N., Ogata, Y., Suda, W., Iino, T., Hattori, M., *et al.* 2020a. *Alistipes communis* sp. nov., *Alistipes dispar* sp. nov. and *Alistipes onderdonkii* subsp. *vulgaris* subsp. nov., isolated from human faeces, and creation of *Alistipes onderdonkii* subsp. *onderdonkii* subsp. nov. *Int. J. Syst. Evol. Microbiol.* **70**: 473–480.
- Sakamoto, M., Ikeyama, N., Toyoda, A., Murakami, T., Mori, H., Iino, T., *et al.* 2020b. *Dialister hominis* sp. nov. isolated from human faeces. *Int. J. Syst. Evol. Microbiol.* **70**: 589–595.
- Sakamoto, M., Ikeyama, N., Toyoda, A., Murakami, T., Mori, H. & Ohkuma, M. 2020c. Complete genome sequence of *Faecalibacillus intestinalis* JCM 34082, isolated from feces from a healthy Japanese female. *Microbiol. Resour. Announc.* **9**: e01160–20.
- Sakamoto, M., Ikeyama, N., Toyoda, A., Murakami, T., Mori, H., Morohoshi, S., *et al.* 2021a. *Copro bacter secundus* subsp. *similis* subsp. nov. and *Solibaculum mannosilyticum* gen. nov., sp. nov., isolated from human feces. *Microbiol. Immunol.* **65**: 245–256.
- Sakamoto, M., Ikeyama, N., Yuki, M., Murakami, T., Mori, H., Iino, T., *et al.* 2021b. *Adlercreutzia hattorii* sp. nov., an equol non-producing bacterium isolated from human faeces. *Int. J. Syst. Evol. Microbiol.* **71**: 005121.
- Sakamoto, M., Sakurai, N., Tanno, H., Iino, T., Ohkuma, M. & Endo, A. 2022. Genome-based, phenotypic and chemotaxonomic classification of *Faecalibacterium* strains: proposal of three novel species *Faecalibacterium duncaniae* sp. nov., *Faecalibacterium hattorii* sp. nov. and *Faecalibacterium gallinarum* sp. nov. *Int. J. Syst. Evol. Microbiol.* **72**: 005379.
- Sakamoto, M., Hisatomi, A. & Ohkuma, M. 2024. Isolation and characterization of a novel *Waltera* species and reclassification of *Brotolimicola acetigignens* Hitch *et al.* 2022 as *Waltera acetigignens* comb. nov. *Int. J. Syst. Evol. Microbiol.* **74**: 006381.
- Sepich-Poore, G.D., Zitvogel, L., Straussman, R., Hasty, J., Wargo, J.A. & Knight, R. 2021. The microbiome and human cancer. *Science* **371**: eabc4552.
- Sokol, H., Pigneur, B., Watterlot, L., Lakhdari, O., Bermúdez-Humarán, L.G., Gratadoux, J.J., *et al.* 2008. *Faecalibacterium prausnitzii* is an anti-inflammatory commensal bacterium identified by gut microbiota analysis of Crohn disease patients. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* **105**: 16731–16736.
- Tanaka, Y. & Benno, Y. 2015. Application of a single-colony coculture technique to the isolation of hitherto unculturable gut bacteria. *Microbiol. Immunol.* **59**: 63–70.
- Vartoukian, S.R., Adamowska, A., Lawlor, M., Moazzez, R., Dewhirst, F.E. & Wade, W.G. 2016. *In vitro* cultivation of ‘unculturable’ oral bacteria, facilitated by community culture and media supplementation with siderophores. *PLoS One* **11**: e0146926.
- Webster, C.I., Withycombe, J.S., Sheth Bhutada, J. & Bai, J. 2024. Review of the microbiome and metabolic pathways associated with psychoneurological symptoms in children with cancer. *Asia Pac. J. Oncol. Nurs.* **11**: 100535.