

腸内に生息する細菌の系統

江崎 孝行*

*岐阜大学大学院医科学系病原体制御分野

Phylogenetic Position of Human Intestinal Bacteria

Takayuki EZAKI*

*Department of Microbiology, Gifu University Graduate School of Medicine, Yanagido 1-1, Gifu 501-1194, Japan

細菌は1980年代の中頃から蓄積されてきた16S rDNAの配列に基いて再分類され、分類体系が大幅に変化した(26, 27)。記載された細菌種は現在で約5500種に達するが、その3割近い菌種が、再分類の対象となった。

その結果、16SrDNAの系統分類では原核生物は古細菌 *Archaea* と真正細菌 *Eubacteria* (or *Bacteria*) に分かれた。配列だけの登録ではなく生きた菌が記録されている古細菌 *Archaea* は *Euryarchaeota* と *Crenarchaeota* の2つの門 Phylum に、真正細菌 *Eubacteria* は24の門に分類されている。ヒトの口腔から大腸までの消化管に生息する菌種は、この両方の domain に分布している (Fig. 1, *Archaea* 系統樹)。

古細菌 Domain *Archaea*

湖沼の汚泥、海底火山、高温の温泉などに生息する *Archaea* の系統に分類される原核生物がヒトの腸管にも生息するというデータは早くから蓄積されてきた (4, 14, 18, 19)。メタン生産菌として大腸に生息する *Archaea* は硫酸還元菌である真正細菌の *Desulfovibrio* とリンクさせて大腸発癌研究の標的となってきた (16)。しかし、多くのデータがメタンの生産を確認しているだけで菌種名を同定した論文は少ない。これは *Archaea* の培養が困難であるがメタンの測定が容易であることに起因する。腸管に生息するメタン生産菌としては *Methanobrevibacter smithii* (Table 2) が最も多くの記載があり (18)、発癌物質の蓄積と関連づけた研究が多い (11)。そのほかの菌種としては *Methanospira stadtmaniae* (14) が報告されている。いずれも

Archaea の *Euryarchaea* 門に分類される。

培養が困難なメタン生産菌の分子系統が整備され、PCR法やFish法による解析 (1, 3) が容易になったことから、菌種の記載は少ないが、腸管のフローラ解析のデータが多く発表されている。特に Raskin ら (17) が8種類のメタン生産菌のプローブを報告し、解析に拍車がかかったので、今後は菌種レベルの報告が蓄積されてくればより詳細なメタン生産菌の腸管内の分布が解明されると期待される。

真正細菌 (Domain *Eubacteria* あるいは *Bacteria*)

Domain *Eubacteria* は新しく発表される Bergy's manual では24の門 Phylum (Table 1) に分類される予定になっている。そのうち消化管内フローラを形成する菌種は *Firmicutes*, *Actinobacteria*, *Fusobacteria*, *Fibrobacteres*, *Proteobacteria*, *Treponema* および *Bacteroidetes* の7つの門 Phylum に分布する。グラム陰性菌では *Bacteroidetes* 門の菌群が優位を占め、そのなかで Genus *Bacteroides* の菌種である *B. vulgatus*, *B. distasonis*, および *B. eggerthii* が大腸内フローラを構成する系統としては優位な菌である (Table 2a)。一方、かつて *Bacteroides* 属に分類されていた *Prevotella* 属、および *Porphyromonas* 属の菌群は主に口腔内フローラを形成している。グラム陰性の *Fusobacterium* 属の菌種に分類されていた *F. prausnitzii* は大腸内優位フローラの形成菌種として報告されていたが、*Faecalibacterium prausnitzii* としてグラム陽性の *Firmicutes* 門に再分類されたため、*Fusobacterium* 属の菌種が大腸内フローラの優位菌として報告されることは少なくなった。*Fusobacterium* 属では *F. nucleatum* が口腔内フローラを形成している。

大腸内フローラの優位菌であった *Bacteroides suc-*

2005年12月7日受付

* 〒501-1194 岐阜市柳戸1-1 1-1 Yanagido, Gifu 501-1194, Japan

Table 1. Taxonomic position of Bacteria and Archaea found in human intestine

Domain	Phylum
Archaea	<i>Euryarchaea</i> * <i>Crenarchaea</i>
Eubacteria (or Bacteria)	<i>Acidobacteria</i> <i>Actinobacteria</i> <i>Aquificae</i> <i>Bacteroidetes</i> * <i>Chlamydiae</i> <i>Chlorobi</i> <i>Chloroflexi</i> <i>Chrysiogenetes</i> <i>Cyanobacteria</i> <i>Deferribacters</i> <i>Deinococcus-Thermus</i> <i>Dictioglomi</i> <i>Fibrobacteres</i> * <i>Firmicutes</i> * <i>Fusobacteria</i> * <i>Gemmatimonadetes</i> <i>Nitrospira</i> <i>Planctomyces</i> <i>Proteobacteria</i> <i>Spirochaetes</i> * <i>Thermodesulfobacteria</i> <i>Thermomicrobia</i> <i>Thermotogae</i> <i>Verrucomicrobia</i>

*Phylum found in human flora.

cinogenes も *Fibrobacteres* 門に再分類され, *Fibrobacter succinigenes* として独立した系統として位置づけられている (Fig. 2 グラム陰性菌の系統樹).

グラム陽性菌はDNAのGC含量が高い *Actinobacteria* 門とGC含量が低い *Firmicutes* 門に大別される. 16SrDNAの分子系統で分類が整理された結果, 最も注目されるフローラ形成菌群は *Veillonella*, *Acidaminococcus*, *Megasphaera* など従来, グラム陰性球菌として分類されていた菌群である (Table 2b). これらの菌種はグラム陽性の *Firmicutes* 門の Family *Acidaminococcaceae* としてまとめられている (Fig. 3 グラム陽性菌の系統樹).

大腸フローラの優位菌である *Eubacteria* 属菌群は *Actinobacteria* 門の Family *Coriobacteriaceae* と *Firmicutes* 門の Family *Eubacteriaceae* に分割された.

嫌気性球菌群である *Ruminococcus*, *Coprococcus*, および *Peptostreptococcus* 属の菌群は clostridia に近い配列を持っていることから Order *Clostridiales* にまとめられ, Family *Lachnospiraceae*, “*Peptostreptococcaceae*”, として上位分類がまとめられている. 腸内フローラとしてはマイナーなグループであるが *Sarcina* 属の菌種は *Clostridium perfringens* と極めて類似した配列を保有しており, 今後も分類の再編成が必要なグループである.

腸内フローラを形成する菌種は数百種類と推定されているが腸内に生息する細菌種にはいまだ分離培養に成功せず, 遺伝子検査でのみ検出される菌群が多数ある. 従来の培養方法で分離培養するには膨大な労力を要していた (15) ので, 大量の検査を行うことは困難であった. PCR法により, 解析のスピードは従来と比較にならない早くなり, 多くの材料を解析する環境が整ってきたため情報の蓄積が加速している (12, 21, 22). さらに, サンプルの問題から従来は口腔内と排出糞便に限られていた材料が, 内視鏡を使用し, 小腸の十二指腸, 空腸, 回腸, および大腸の盲腸, 上向結腸, 横行結腸などより細かな局所から採取したデータの解析結果が報告されるようになり, 構成菌種の報告の幅も大幅に変化しつつある (4, 6).

Firmicutes 門に属する *Clostridium* 属の菌種には *Clostridium* cluster XIV と呼ばれ, しばしば優位なフローラの構成菌として遺伝子増幅では検出されるが, 多数の異なる菌群から構成されており, 今後のデータの蓄積が必要な菌群である.

PCR法によってその存在が再認識された菌群もある. *Ruminococcus*, *Coprococcus* 属の菌群は嫌気性の要求が強く, 栄養要求も厳しいので, 一般の微生物研究者が培養し, 分離することは困難であったのでフローラの主要構成菌種としての認識は低かった. 特異的なPCRの primer をデザインしこれらの菌群を対象に解析すると優位な菌群であることがわかってきた.

Table 2a. Phylogenetic position of major Gram negative bacteria and Archaea found in intestine

Domain	Phylum	Class	Order	Family	Genus	Species	Old Name
Archaea	<i>Euryarchaeota</i>	<i>Methanobacteria</i>	<i>Methanobacteriales</i>	<i>Methanobacteriaceae</i>	<i>Methanobrevibacter</i>	<i>M. smithii</i>	
Archaea	<i>Euryarchaeota</i>	<i>Methanobacteria</i>	<i>Methanobacteriales</i>	<i>Methanobacteriaceae</i>	<i>M. stadtmanae</i>		
Bacteria	" <i>Bacteroidetes</i> "	<i>Bacteroidetes</i>	<i>Bacteroidales</i>	<i>Bacteroidaceae</i>	<i>Anaerorhabdus</i>	<i>A. furcosa</i>	<- <i>Bacteroides furcosus</i>
Bacteria	" <i>Bacteroidetes</i> "	<i>Bacteroidetes</i>	<i>Bacteroidales</i>	<i>Bacteroidaceae</i>	<i>Bacteroides</i>	<i>B. distasonis</i> *	
Bacteria	" <i>Bacteroidetes</i> "	<i>Bacteroidetes</i>	<i>Bacteroidales</i>	<i>Bacteroidaceae</i>	<i>Bacteroides</i>	<i>B. eggerthii</i> *	
Bacteria	" <i>Bacteroidetes</i> "	<i>Bacteroidetes</i>	<i>Bacteroidales</i>	<i>Bacteroidaceae</i>	<i>Bacteroides</i>	<i>B. fragilis</i> *	
Bacteria	" <i>Bacteroidetes</i> "	<i>Bacteroidetes</i>	<i>Bacteroidales</i>	<i>Bacteroidaceae</i>	<i>Bacteroides</i>	<i>B. ovatus</i> *	
Bacteria	" <i>Bacteroidetes</i> "	<i>Bacteroidetes</i>	<i>Bacteroidales</i>	<i>Bacteroidaceae</i>	<i>Bacteroides</i>	<i>B. putredinis</i> *	
Bacteria	" <i>Bacteroidetes</i> "	<i>Bacteroidetes</i>	<i>Bacteroidales</i>	<i>Bacteroidaceae</i>	<i>Bacteroides</i>	<i>B. stercoris</i>	
Bacteria	" <i>Bacteroidetes</i> "	<i>Bacteroidetes</i>	<i>Bacteroidales</i>	<i>Bacteroidaceae</i>	<i>Bacteroides</i>	<i>B. thetaiotaomicron</i> *	
Bacteria	" <i>Bacteroidetes</i> "	<i>Bacteroidetes</i>	<i>Bacteroidales</i>	<i>Bacteroidaceae</i>	<i>Bacteroides</i>	<i>B. uniformis</i>	
Bacteria	" <i>Bacteroidetes</i> "	<i>Bacteroidetes</i>	<i>Bacteroidales</i>	<i>Bacteroidaceae</i>	<i>Bacteroides</i>	<i>B. vulgatus</i> *	
Bacteria	" <i>Bacteroidetes</i> "	<i>Bacteroidetes</i>	<i>Bacteroidales</i>	<i>Bacteroidaceae</i>	<i>Porphylomonas</i>	<i>P. gingivalis</i>	<- <i>Bacteroides gingivalis</i>
Bacteria	" <i>Bacteroidetes</i> "	<i>Bacteroidetes</i>	<i>Bacteroidales</i>	<i>Bacteroidaceae</i>	<i>Prevotella</i>	<i>P. denticola</i>	<- <i>Bacteroides denticola</i>
Bacteria	" <i>Bacteroidetes</i> "	<i>Bacteroidetes</i>	<i>Bacteroidales</i>	<i>Bacteroidaceae</i>	<i>Prevotella</i>	<i>P. distens</i>	<- <i>Bacteroides distens</i>
Bacteria	" <i>Bacteroidetes</i> "	<i>Bacteroidetes</i>	<i>Bacteroidales</i>	<i>Bacteroidaceae</i>	<i>Prevotella</i>	<i>P. oris</i>	<- <i>Bacteroides oris</i>
Bacteria	" <i>Bacteroidetes</i> "	<i>Bacteroidetes</i>	<i>Bacteroidales</i>	<i>Bacteroidaceae</i>	<i>Prevotella</i>	<i>P. intermedia</i>	
Bacteria	" <i>Bacteroidetes</i> "	<i>Bacteroidetes</i>	<i>Bacteroidales</i>	<i>Bacteroidaceae</i>	<i>Prevotella</i>	<i>P. melaninogenica</i>	<- <i>Bacteroides melaninogenicus</i>
Bacteria	" <i>Bacteroidetes</i> "	<i>Bacteroidetes</i>	<i>Bacteroidales</i>	<i>Bacteroidaceae</i>	<i>Prevotella</i>	<i>P. bivia</i>	<- <i>Bacteroides buccae</i> , <i>B. vivinus</i>
Bacteria	" <i>Fusobacteria</i> "	<i>Fusobacteria</i>	<i>Fusobacteriales</i>	<i>Fusobacteriaceae</i>	<i>Fusobacterium</i>	<i>F. mortiferum</i> *	
Bacteria	" <i>Fusobacteria</i> "	<i>Fusobacteria</i>	<i>Fusobacteriales</i>	<i>Fusobacteriaceae</i>	<i>Fusobacterium</i>	<i>F. nucleatum</i>	
Bacteria	" <i>Fusobacteria</i> "	<i>Fusobacteria</i>	<i>Fusobacteriales</i>	<i>Fusobacteriaceae</i>	<i>Fusobacterium</i>	<i>F. russii</i>	
Bacteria	" <i>Fusobacteria</i> "	<i>Fusobacteria</i>	<i>Fusobacteriales</i>	<i>Fusobacteriaceae</i>	<i>Fusobacterium</i>	<i>F. varium</i> *	
Bacteria	" <i>Fibrobacteres</i> "	<i>Fibrobacteres</i>	<i>Fibrobacteriales</i>	<i>Fibrobacteriaceae</i>	<i>Fibrobacter</i>	<i>F. succinigenes</i>	<- <i>Bacteroides succinigenes</i>
Bacteria	" <i>Fibrobacteres</i> "	<i>Fibrobacteres</i>	<i>Fibrobacteriales</i>	<i>Fibrobacteriaceae</i>	<i>Fibrobacter</i>	<i>F. intestinalis</i> *	
Bacteria	" <i>Spirochaetes</i> "	" <i>Spirochaetes</i> "	<i>Spirochaetales</i>	<i>Spirochaetaceae</i>	<i>Treponema</i>	<i>T. denticola</i>	
Bacteria	" <i>Spirochaetes</i> "	" <i>Spirochaetes</i> "	<i>Spirochaetales</i>	<i>Spirochaetaceae</i>	<i>Treponema</i>	<i>T. medium</i>	
Bacteria	" <i>Spirochaetes</i> "	" <i>Spirochaetes</i> "	<i>Spirochaetales</i>	<i>Spirochaetaceae</i>	<i>Treponema</i>	<i>T. multophilum</i>	
Bacteria	<i>Alfaproteobacteria</i>	<i>Rhizobiales</i>	<i>Rhizobiales</i>	<i>Hyphomicrobiaceae</i>	<i>Gemmiger</i>	<i>G. formicilis</i>	
Bacteria	<i>Gamma</i> proteobacteria	<i>Enterobacteriales</i>	<i>Enterobacteriales</i>	<i>Enterobacteriaceae</i>	<i>Citrobacter</i>	<i>C. freundii</i>	
Bacteria	<i>Gamma</i> proteobacteria	<i>Enterobacteriales</i>	<i>Enterobacteriales</i>	<i>Enterobacteriaceae</i>	<i>Enterobacter</i>	<i>E. cloacae</i>	
Bacteria	<i>Gamma</i> proteobacteria	<i>Enterobacteriales</i>	<i>Enterobacteriales</i>	<i>Enterobacteriaceae</i>	<i>Klebsiella</i>	<i>K. planticola</i>	
Bacteria	<i>Gamma</i> proteobacteria	<i>Enterobacteriales</i>	<i>Enterobacteriales</i>	<i>Enterobacteriaceae</i>	<i>Klebsiella</i>	<i>K. oxytoca</i>	
Bacteria	<i>Gamma</i> proteobacteria	<i>Enterobacteriales</i>	<i>Enterobacteriales</i>	<i>Enterobacteriaceae</i>	<i>Proteus</i>	<i>P. vulgaris</i>	
Bacteria	<i>Gamma</i> proteobacteria	<i>Enterobacteriales</i>	<i>Enterobacteriales</i>	<i>Enterobacteriaceae</i>	<i>Escherichia</i>	<i>E. coli</i> *	
Bacteria	<i>Gamma</i> proteobacteria	<i>Aeromonadales</i>	<i>Aeromonadales</i>	<i>Succinivibrionaceae</i>	<i>Succinivibrio</i>	<i>S. deattonosolvens</i> *	
Bacteria	<i>Delta</i> proteobacteria	<i>Desulfonivirionales</i>	<i>Desulfonivirionales</i>	<i>Desulfonivirionaceae</i>	<i>Desulfonivibrio</i>	<i>D. vulgaris</i>	
Bacteria	<i>Epsilon</i> proteobacteria	<i>Campylobacteriales</i>	<i>Campylobacteriales</i>	<i>Campylobacteriaceae</i>	<i>Campylobacter</i>	<i>C. jejuni</i>	
Bacteria	<i>Epsilon</i> proteobacteria	<i>Campylobacteriales</i>	<i>Campylobacteriales</i>	<i>Campylobacteriaceae</i>	<i>Helicobacter</i>	<i>H. pylori</i>	

*species reported more than 10⁸ cfu/g in stool.

Table 2b. Phylogenetic position of major Gram Positive bacteria found in intestine

Domain	Phylum	Class	Order	Family	Genus	Species	Old Name
Bacteria	Actinobacteria	Actinobacteria	Bifidobacteriales	Bifidobacteriaceae	<i>Bifidobacterium</i>	<i>B. adlescentis</i> *	
Bacteria	Actinobacteria	Actinobacteria	Bifidobacteriales	Bifidobacteriaceae	<i>Bifidobacterium</i>	<i>B. bifidum</i> *	
Bacteria	Actinobacteria	Actinobacteria	Bifidobacteriales	Bifidobacteriaceae	<i>Bifidobacterium</i>	<i>B. breve</i>	
Bacteria	Actinobacteria	Actinobacteria	Bifidobacteriales	Bifidobacteriaceae	<i>Bifidobacterium</i>	<i>B. infantis</i> *	
Bacteria	Actinobacteria	Actinobacteria	Bifidobacteriales	Bifidobacteriaceae	<i>Bifidobacterium</i>	<i>B. longum</i>	
Bacteria	Actinobacteria	Actinobacteria	Coriobacteriales	Coriobacteriaceae	<i>Atopobium</i>	<i>A. minutum</i>	<- <i>Lactobacillus minutus</i>
Bacteria	Actinobacteria	Actinobacteria	Coriobacteriales	Coriobacteriaceae	<i>Atopobium</i>	<i>A. fossor</i>	<- <i>Eubacterium fossor</i>
Bacteria	Actinobacteria	Actinobacteria	Coriobacteriales	Coriobacteriaceae	<i>Atopobium</i>	<i>A. parvulum</i>	<- <i>Streptococcus parvulus</i>
Bacteria	Actinobacteria	Actinobacteria	Coriobacteriales	Coriobacteriaceae	<i>Atopobium</i>	<i>A. vaginae</i>	
Bacteria	Actinobacteria	Actinobacteria	Coriobacteriales	Coriobacteriaceae	<i>Collinsella</i>	<i>C. aerofaciens</i> *	<- <i>Eubacterium aerofaciens</i>
Bacteria	Actinobacteria	Actinobacteria	Coriobacteriales	Coriobacteriaceae	<i>Collinsella</i>	<i>C. intestinalis</i>	
Bacteria	Actinobacteria	Actinobacteria	Coriobacteriales	Coriobacteriaceae	<i>Collinsella</i>	<i>C. stercoris</i>	
Bacteria	Actinobacteria	Actinobacteria	Coriobacteriales	Coriobacteriaceae	<i>Eggerthella</i>	<i>E. lenta</i> *	<- <i>Eubacterium lentum</i>
Bacteria	Actinobacteria	Actinobacteria	Coriobacteriales	Coriobacteriaceae	<i>Slackia</i>	<i>S. exiguum</i>	<- <i>Eubacterium exiguum</i>
Bacteria	Firmicutes	"Clostridia"	Clostridiales	Acidaminococcaceae	<i>Anaerovibrio</i>	<i>A. lipolytica</i> *	
Bacteria	Firmicutes	"Clostridia"	Clostridiales	Acidaminococcaceae	<i>Megasphaera</i>	<i>M. elsdenii</i> *	
Bacteria	Firmicutes	"Clostridia"	Clostridiales	Acidaminococcaceae	<i>Megasphaera</i>	<i>M. micronuciformis</i>	
Bacteria	Firmicutes	"Clostridia"	Clostridiales	Acidaminococcaceae	<i>Megasphaera</i>	<i>M. serვისiae</i>	
Bacteria	Firmicutes	"Clostridia"	Clostridiales	Acidaminococcaceae	<i>Megasphaera</i>	<i>M. micronuciformis</i>	
Bacteria	Firmicutes	"Clostridia"	Clostridiales	Acidaminococcaceae	<i>Mitsuokella</i>	<i>M. multiacida</i> *	<- <i>Bacteroides multiacida</i>
Bacteria	Firmicutes	"Clostridia"	Clostridiales	Acidaminococcaceae	<i>Selenomonas</i>	<i>S. ruminantium</i>	
Bacteria	Firmicutes	"Clostridia"	Clostridiales	Acidaminococcaceae	<i>Sporomusa</i>	<i>S. acidovorans</i>	
Bacteria	Firmicutes	"Clostridia"	Clostridiales	Acidaminococcaceae	<i>Sporomusa</i>	<i>S. spharoides</i>	
Bacteria	Firmicutes	"Clostridia"	Clostridiales	Acidaminococcaceae	<i>Veillonella</i>	<i>V. parvula</i> *	
Bacteria	Firmicutes	"Clostridia"	Clostridiales	Eubacteriaceae	<i>Eubacterium</i>	<i>E. limosum</i> *	
Bacteria	Firmicutes	"Clostridia"	Clostridiales	Eubacteriaceae	<i>Eubacterium</i>	<i>E. bifforme</i>	
Bacteria	Firmicutes	"Clostridia"	Clostridiales	Eubacteriaceae	<i>Eubacterium</i>	<i>E. cylindroides</i>	
Bacteria	Firmicutes	"Clostridia"	Clostridiales	Eubacteriaceae	<i>Eubacterium</i>	<i>E. rectale</i> *	
Bacteria	Firmicutes	"Clostridia"	Clostridiales	Eubacteriaceae	<i>Eubacterium</i>	<i>E. ventriosum</i>	
Bacteria	Firmicutes	"Clostridia"	Clostridiales	Clostridiaceae	<i>Clostridium</i>	<i>C. bifermentans</i>	
Bacteria	Firmicutes	"Clostridia"	Clostridiales	Clostridiaceae	<i>Clostridium</i>	<i>C. butyricum</i>	
Bacteria	Firmicutes	"Clostridia"	Clostridiales	Clostridiaceae	<i>Clostridium</i>	<i>C. clostridiiforme</i>	
Bacteria	Firmicutes	"Clostridia"	Clostridiales	Clostridiaceae	<i>Clostridium</i>	<i>C. coccoides</i>	
Bacteria	Firmicutes	"Clostridia"	Clostridiales	Clostridiaceae	<i>Clostridium</i>	<i>C. difficile</i>	
Bacteria	Firmicutes	"Clostridia"	Clostridiales	Clostridiaceae	<i>Clostridium</i>	<i>C. indolis</i>	
Bacteria	Firmicutes	"Clostridia"	Clostridiales	Clostridiaceae	<i>Clostridium</i>	<i>C. innocuum</i>	
Bacteria	Firmicutes	"Clostridia"	Clostridiales	Clostridiaceae	<i>Clostridium</i>	<i>C. leptum</i>	
Bacteria	Firmicutes	"Clostridia"	Clostridiales	Clostridiaceae	<i>Clostridium</i>	<i>C. limosum</i>	
Bacteria	Firmicutes	"Clostridia"	Clostridiales	Clostridiaceae	<i>Clostridium</i>	<i>C. perfringens</i>	
Bacteria	Firmicutes	"Clostridia"	Clostridiales	Clostridiaceae	<i>Clostridium</i>	<i>C. ramosum</i>	
Bacteria	Firmicutes	"Clostridia"	Clostridiales	Clostridiaceae	<i>Faecalibacterium</i>	<i>F. prausnitzii</i> *	<i>Fusobacterium prausnitzii</i>
Bacteria	Firmicutes	"Clostridia"	Clostridiales	Clostridiaceae	<i>Lactobacillus</i>	<i>L. acidophilus</i>	
Bacteria	Firmicutes	"Clostridia"	Clostridiales	Clostridiaceae	<i>Lactobacillus</i>	<i>L. casei</i>	

Table 2b. Continued

Domain	Phylum	Class	Order	Family	Genus	Species	Old Name
Bacteria	Firmicutes	"Clostridia"	Clostridiales	Clostridiaceae	<i>Lactobacillus</i>	<i>L. mali</i>	
Bacteria	Firmicutes	"Clostridia"	Clostridiales	Clostridiaceae	<i>Lactobacillus</i>	<i>L. plantarum</i> *	
Bacteria	Firmicutes	"Clostridia"	Clostridiales	Clostridiaceae	<i>Lactobacillus</i>	<i>L. cateniformis</i>	
Bacteria	Firmicutes	"Clostridia"	Clostridiales	Clostridiaceae	<i>Sarcina</i>	<i>S. ventriculi</i>	
Bacteria	Firmicutes	"Clostridia"	Clostridiales	Clostridiaceae	<i>Sarcina</i>	<i>S. maxima</i>	
Bacteria	Firmicutes	"Clostridia"	Clostridiales	Enterococcaceae	<i>Enterococcus</i>	<i>E. faecalis</i>	
Bacteria	Firmicutes	"Clostridia"	Clostridiales	Enterococcaceae	<i>Enterococcus</i>	<i>E. faecium</i>	
Bacteria	Firmicutes	"Clostridia"	Clostridiales	Enterococcaceae	<i>Lactococcus</i>	<i>L. lactis</i>	
Bacteria	Firmicutes	"Clostridia"	Clostridiales	Peptococcaceae	<i>Peptococcus</i>	<i>P. niger</i>	
Bacteria	Firmicutes	"Clostridia"	Clostridiales	Lachnospiraceae	<i>Butyrivibrio</i>	<i>B. fibrisolvens</i> *	
Bacteria	Firmicutes	"Clostridia"	Clostridiales	Lachnospiraceae	<i>Coprococcus</i>	<i>C. eutactus</i> *	
Bacteria	Firmicutes	"Clostridia"	Clostridiales	Lachnospiraceae	<i>Coprococcus</i>	<i>C. catus</i> *	
Bacteria	Firmicutes	"Clostridia"	Clostridiales	Lachnospiraceae	<i>Coprococcus</i>	<i>C. comes</i> *	
Bacteria	Firmicutes	"Clostridia"	Clostridiales	Lachnospiraceae	<i>Lachnospira</i>	<i>L. multipara</i>	
Bacteria	Firmicutes	"Clostridia"	Clostridiales	Lachnospiraceae	<i>Ruminococcus</i>	<i>R. bromii</i> *	<-Peptostreptococcus bromii
Bacteria	Firmicutes	"Clostridia"	Clostridiales	Lachnospiraceae	<i>Ruminococcus</i>	<i>R. albus</i>	
Bacteria	Firmicutes	"Clostridia"	Clostridiales	Lachnospiraceae	<i>Ruminococcus</i>	<i>R. productus</i> *	
Bacteria	Firmicutes	"Clostridia"	Clostridiales	Lachnospiraceae	<i>Ruminococcus</i>	<i>R. hydrogenotrophicus</i> *	<- Peptostreptococcus productus
Bacteria	Firmicutes	"Clostridia"	Clostridiales	Lachnospiraceae	<i>Ruminococcus</i>	<i>R. lactaris</i> *	
Bacteria	Firmicutes	"Clostridia"	Clostridiales	Lachnospiraceae	<i>Ruminococcus</i>	<i>R. flavefactens</i>	
Bacteria	Firmicutes	"Clostridia"	Clostridiales	Lachnospiraceae	<i>Ruminococcus</i>	<i>R. hanseni</i> *	
Bacteria	Firmicutes	"Clostridia"	Clostridiales	Lachnospiraceae	<i>Ruminococcus</i>	<i>R. granus</i> *	
Bacteria	Firmicutes	"Clostridia"	Clostridiales	Lachnospiraceae	<i>Ruminococcus</i>	<i>R. obeum</i> *	
Bacteria	Firmicutes	"Clostridia"	Clostridiales	Lachnospiraceae	<i>Ruminococcus</i>	<i>R. torques</i> *	
Bacteria	Firmicutes	"Clostridia"	Clostridiales	"Peptostreptococcaceae"	<i>Anaerococcus</i>	<i>A. prevatii</i>	<-Peptostreptococcus prevatii
Bacteria	Firmicutes	"Clostridia"	Clostridiales	"Peptostreptococcaceae"	<i>Anaerococcus</i>	<i>A. hydrogenalis</i>	<-Peptostreptococcus hydrogenalis
Bacteria	Firmicutes	"Clostridia"	Clostridiales	"Peptostreptococcaceae"	<i>Anaerococcus</i>	<i>A. lactolyticus</i>	<-Peptostreptococcus lactolyticus
Bacteria	Firmicutes	"Clostridia"	Clostridiales	"Peptostreptococcaceae"	<i>Anaerococcus</i>	<i>A. tetradicus</i>	<-Peptostreptococcus tetradicus
Bacteria	Firmicutes	"Clostridia"	Clostridiales	"Peptostreptococcaceae"	<i>Finnegaldia</i>	<i>F. magnus</i>	<-Peptostreptococcus magnus
Bacteria	Firmicutes	"Clostridia"	Clostridiales	"Peptostreptococcaceae"	<i>Micromonas</i>	<i>M. micros</i> *	<-Peptostreptococcus micros
Bacteria	Firmicutes	"Clostridia"	Clostridiales	"Peptostreptococcaceae"	<i>Peptinophilus</i>	<i>P. asaccharolyticus</i>	<-Peptostreptococcus asaccharolyticus
Bacteria	Firmicutes	"Clostridia"	Clostridiales	"Peptostreptococcaceae"	<i>Peptinophilus</i>	<i>P. indolicus</i>	<-Peptostreptococcus indolicus
Bacteria	Firmicutes	"Clostridia"	Clostridiales	"Peptostreptococcaceae"	<i>Peptinophilus</i>	<i>P. harei</i>	<-Peptostreptococcus harei
Bacteria	Firmicutes	"Clostridia"	Clostridiales	"Peptostreptococcaceae"	<i>Peptinophilus</i>	<i>P. ivorii</i>	<-Peptostreptococcus ivorii
Bacteria	Firmicutes	"Clostridia"	Clostridiales	"Peptostreptococcaceae"	<i>Peptostreptococcus</i>	<i>P. anaerobius</i> *	
Bacteria	Firmicutes	"Clostridia"	Clostridiales	Streptococcaceae	<i>Streptococcus</i>	<i>S. intermedius</i> *	
Bacteria	Firmicutes	Mollicutes	Mycoplasmatales	Mycoplasmataceae	<i>Mycoplasma</i>	<i>M. genitalium</i>	
Bacteria	Firmicutes	Mollicutes	Mycoplasmatales	Mycoplasmataceae	<i>Mycoplasma</i>	<i>M. salivarium</i>	
Bacteria	Firmicutes	Mollicutes	Mycoplasmatales	Mycoplasmataceae	<i>Mycoplasma</i>	<i>M. hominis</i>	
Bacteria	Firmicutes	Mollicutes	Mycoplasmatales	Mycoplasmataceae	<i>Mycoplasma</i>	<i>M. orale</i>	

*species reported more than 10⁸ cfu/g in stool.

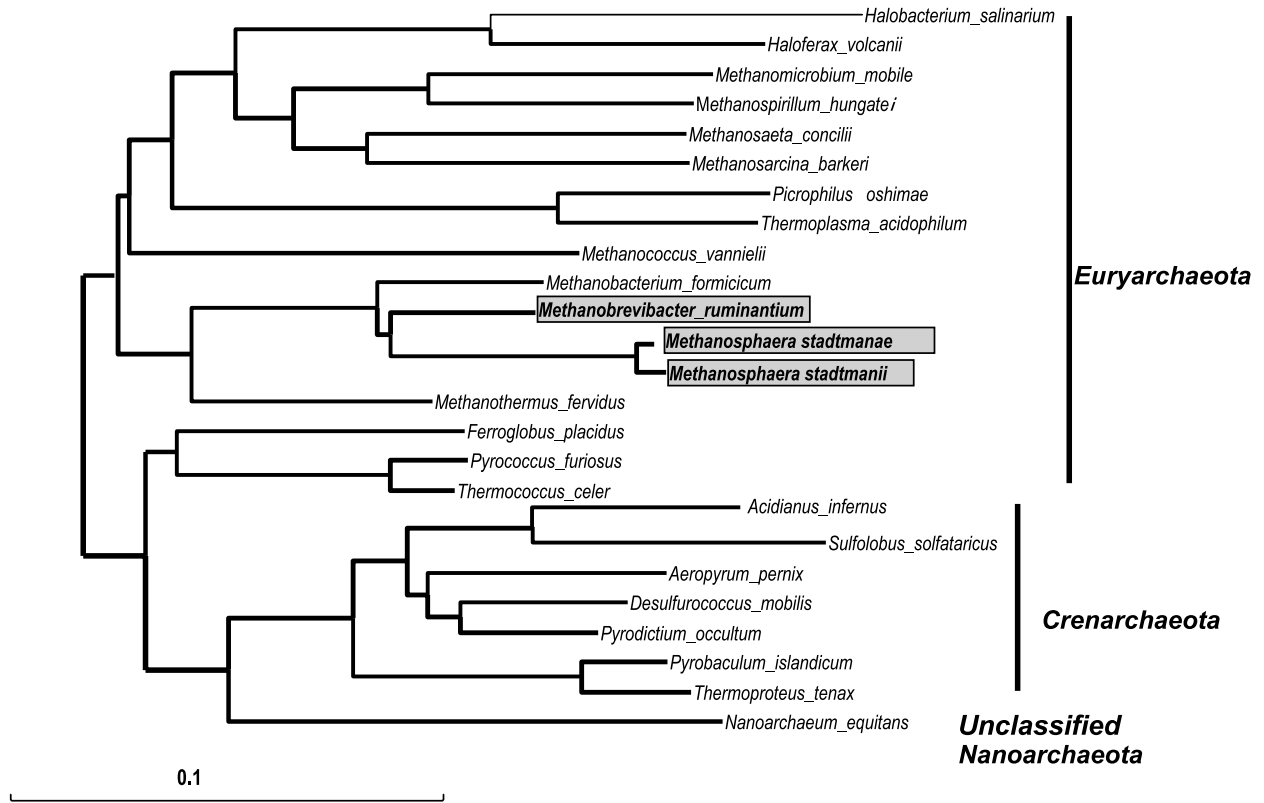


Fig. 1. Phylogenetic position of Archeal species reported in human intestine. Species reported are marked with closed box.

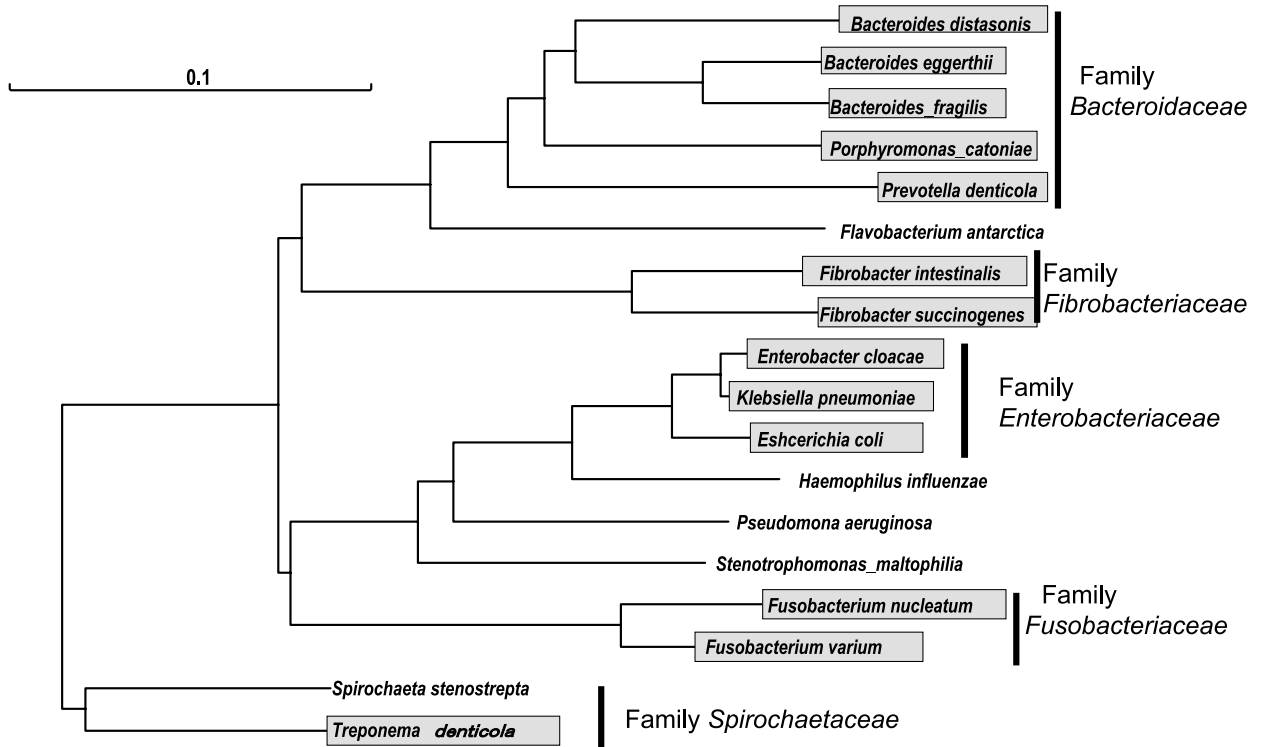


Fig. 2. Phylogenetic position of Gram negatives reported in human intestine. Species reported are marked with closed box.

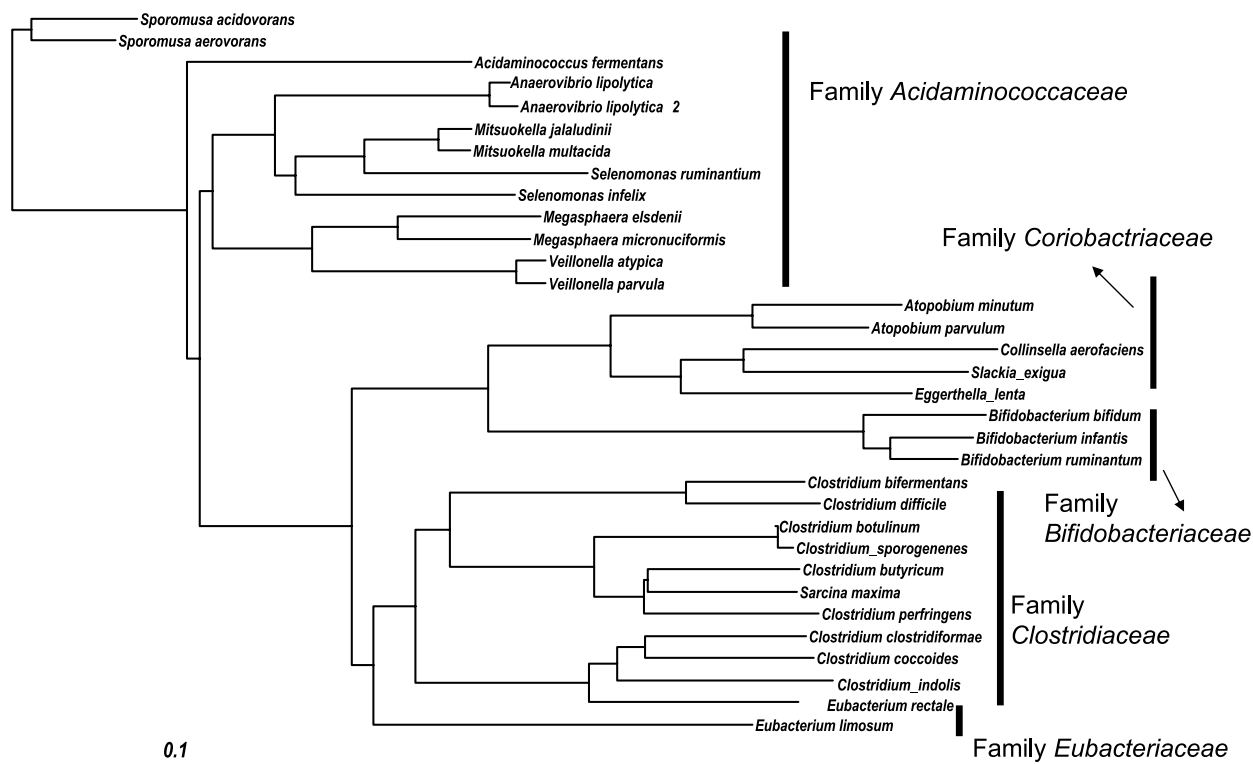


Fig. 3. Phylogenetic position of Gram positives reported in human intestine. Species reported are marked with closed box.

参考文献

- (1) Barns SM, Fundyga RE, Jeffries MW, Pace NR. 1994. Remarkable archaeal diversity detected in a Yellowstone National Park hot spring environment. *Proc Natl Acad Sci USA* **91**: 1609-1613.
- (2) 辨野義巳, 光岡知足. 1991. 腸内フローラの嫌気性菌. 今中忠行 & 松沢 洋編, 極限環境微生物ハンドブック, p.309-312, Science forum, 東京.
- (3) Delong, EF. 1992. Archaea in coastal marine environments. *Proc Natl Acad Sci USA* **89**: 5685-5689.
- (4) Eckburg PB, Bik EM, Bernstein CN, Purdom E, Dethlefsen L, Sargent M, Gill SR, Nelson KE, Relman DA. 2005. Diversity of the human intestinal microbial flora. *Science* **308**(5728): 1635-1638.
- (5) 江崎孝行, 2004. DNA マイクロアレイを用いた環境サンプル中の微生物群衆の解析. 工藤俊章 & 大熊盛也編, 難培養微生物研究の最新技術, p.94-100. シーエムシー出版, 東京.
- (6) Hayashi H, Takahashi R, Nishi T, Sakamoto M, Benno Y. 2005. Molecular analysis of jejunal, ileal, caecal and recto-sigmoidal human colonic microbiota using 16S rRNA gene libraries and terminal restriction fragment length polymorphism. *J Med Microbiol* **54**: 1093-1101.
- (7) 林 秀謙, 辨野義巳. 2004. 難培養性細菌を含むヒトの大腸内細菌叢の解析. 難培養微生物研究の最新技術, 工藤俊章 & 大熊盛也編, p.5-172. シーエムシー出版, 東京.
- (8) 影山亜紀子, 辨野義巳. 1998. 16S rRNAを用いた *Eubacterium aerofaciens* のグループの分類学的新展開. 光岡知足編, 腸内フローラの分子生態学, p.77-94. 学会出版センター, 東京.
- (9) Kobayashi Y, Forster RJ, Teather RM. 2000. Development of a competitive polymerase chain reaction assay for the ruminal bacterium *Butyrivibrio fibrisolvens* OB156 and its use for tracking an OB156-derived recombinant. *FEMS Microbiol Lett* **188**: 185-190.
- (10) Koike S, Kobayashi Y. 2002. Development and use of competitive PCR assays for the rumen cellulolytic bacteria: *Fibrobacter succinogenes*, *Ruminococcus albus* and *Ruminococcus flavefaciens*. *FEMS Microbiol Lett* **204**: 361-366.
- (11) Levitt MD, Furne J, Springfield J, Suarez F, DeMaster E. 1999. Detoxication of hydrogen sulfide and methanethiol in the cecal mucosa. *J Clin Invest* **104**: 1107-1114.
- (12) Matsuki T, Watanabe K, Tanaka R, Fukuda M, Oyaizu H. 2004. Quantitative PCR with 16S rRNA-Gene-targeted species-specific primers for analysis of human intestinal bifidobacteria. *Appl Env Microbiol* **70**: 167-173.
- (13) 松木隆広, 渡辺幸一, 田中隆一郎, 小柳津広志. 1998. 16SrRNA 配列を利用した腸内フローラの解析. 光岡知足編, 腸内フローラの分子生態学, p.25-45. 学会出版センター, 東京.
- (14) Miller TL, Wolin MJ. 1985. *Methanosphaera stadtmaniae* gen. nov., sp. nov.: a species that forms methane by reducing methanol with hydrogen. *Arch Microbiol* **141**: 116-122.

- (15) 光岡知足. 1980., 腸内細菌の世界, 叢文社, 東京.
- (16) Pochart P, Dore J, Lemann F, Goderel I, Rambaud JC. 1992. Interrelations between populations of methanogenic archaea and sulfate-reducing bacteria in the human colon. *FEMS Microbiol Lett* **77**: 225-228.
- (17) Raskin L, Stromley JM, Rittmann BE, Stahl DA. 1994. Group-specific 16S rRNA hybridization probes to describe natural communities of methanogens. *Appl Environ Microbiol* **60**: 1232-1240.
- (18) Ridlon JM, McGarr SE, Hylemon PB. 2005. Development of methods for the detection and quantification of 7 alpha-dehydroxylating clostridia, *Desulfovibrio vulgaris*, *Methanobrevibacter smithii*, and *Lactobacillus plantarum* in human feces. *Clin Chim Acta* **357**: 55-64.
- (19) Rutili A, Canzi E, Brusa T, Ferrari A. 1996. Intestinal methanogenic bacteria in children of different ages. *New Microbiol* **19**: 227-243.
- (20) Tajima K, Aminov RI, Nagamine T, Matsui H, Nakamura M, Benno Y. 2001. Diet-dependent shifts in the bacterial population of the rumen revealed with real-time PCR. *Appl Environ Microbiol* **67**: 2766-2774.
- (21) Volker M, Morris JG Jr. 2004. Colonic bacterial flora: changing understandings in the molecular age. *Appl Environ Microbiol* **134**: 459-464.
- (22) Wang RF, Cao WW, Campbell WL, Hairston L, Franklin W, Cerniglia CE. 1994. The use of PCR to monitor the population abundance of six human intestinal bacterial species in an in vitro semicontinuous culture system. *FEMS Microbiol Lett* **124**: 229-238.
- (23) Wang RF, Cao WW, Cerniglia CE. 1996. PCR detection and quantitation of predominant anaerobic bacteria in human and animal fecal samples. *Appl Environ Microbiol* **62**: 1242-1247.
- (24) Wang RF, Cao WW, Cerniglia CE. 1997. PCR detection of *Ruminococcus* spp. in human and animal faecal samples. *Mol Cell Probes* **11**: 259-265.
- (25) 渡辺幸一, 三宅妙子, 松木隆広, 小柳津広志. 1998. 16SrRNA 配列を利用した発酵乳製品中の *Lactobacillus* の菌種の同定. 光岡知足編, 腸内フローラの分子生態学, p129-154, 学会出版センター, 東京.
- (26) Woese CR. 1987. Bacterial evolution. *Microbiol Rev* **51**: 221-271.
- (27) Woese CR. 2000. Interpreting the universal phylogenetic tree. *Proc Natl Acad Sci USA* **97**: 8392-8396.
- (28) Zoetendal EG, Collier CT, Koike S, Mackie RI, Gaskins HR. 2004. Molecular ecological analysis of the gastrointestinal microbiota. *J Nutr* **134**: 465-472.