

令和8年8月21日

各報道機関文教担当記者 様

家畜における一過性腸内かく乱を改善する好熱菌 —離乳期の下痢寛解のための分子機序の推察—

金沢大学疾患モデル総合研究センター研究基盤支援施設の西内巧准教授が参画した、理化学研究所（理研）や九州大学の研究者を中心とする共同研究グループは、高温発酵飼料由来の好熱菌のカルディファーメンティバシラス・ヒサシイ（*C. hisashii*）が、家畜モデルの子牛の下痢を改善する仕組みの一端について、統合マルチオミクス解析によって明らかにしました。

本学の西内巧准教授は、*C. hisashii* の培養上清を用いたプロテオーム解析により、ゲノム解析で予測された酪酸産生経路および AIB 含有ペプチドの生合成経路に関連するタンパク質を検出し、これらの経路が機能する可能性をタンパク質レベルで示しました。薬剤耐性菌（AMR: antimicrobial resistance）のまん延を防ぐために、抗生物質に頼らない畜産経営が世界的に求められている中で、本研究の成果は、貴重なアプローチの一つであることが示唆されています。

本研究成果は、2026 年 8 月 5 日に科学雑誌『*Microbiome*』オンライン版に掲載されました。

【本件に関するお問い合わせ先】

■研究内容に関すること

金沢大学疾患モデル総合研究センター
研究基盤支援施設 准教授
西内 巧（にしうち たくみ）
TEL : 076-265-2772
E-mail: tnish9@staff.kanazawa-u.ac.jp

■広報担当

金沢大学医薬保健系事務部総務課総務係
山田 里奈（やまだ りな）
TEL : 076-265-2109
E-mail: t-isomu@adm.kanazawa-u.ac.jp

PRESS RELEASE

2026 年 8 月 21 日

理化学研究所、九州大学、千葉大学、金沢大学
広島大学、北里大学、慶應義塾大学先端生命科学研究so
国立健康危機管理研究機構

家畜における一過性腸内かく乱を改善する好熱菌

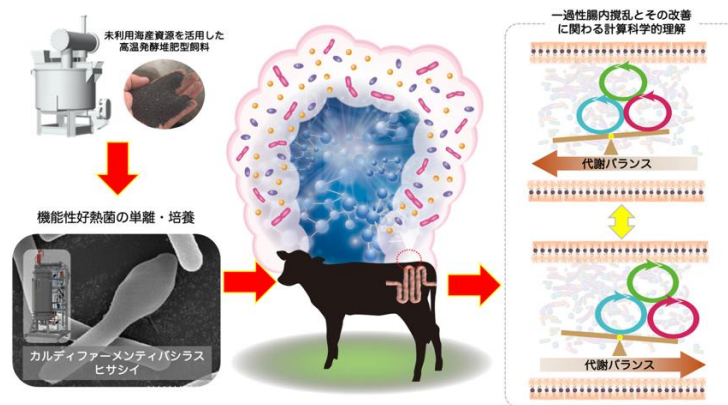
一離乳期の下痢寛解のための分子機序の推察一

概要

理化学研究所（理研）生命医科学研究センター粘膜システム研究チームの太野博司チームディレクター、宮本浩邦客員主管研究員、共生微生物叢研究チームの須田瓦チームディレクター、服部正平客員主管研究員（研究当時）、光量子工学研究センター光量子制御技術開発チームの和田智之チームディレクター、バイオリソース研究センター統合情報開発室の梶屋啓志室長、環境資源科学研究センター環境代謝分析研究チームの菊地淳チームディレクター、九州大学大学院農学研究院の高橋秀之准教授、千葉大学大学院園芸学研究院の児玉浩明教授、金沢大学疾患モデル総合研究センター研究基盤支援施設の西内巧准教授、広島大学大学院統合生命科学研究科の稲生雄大助教、北里大学医療衛生学部の佐藤隆司講師、慶應義塾大学先端生命科学研究soの福田真嗣特任教授、国立健康危機管理研究機構の山本直樹名誉所員らの共同研究グループは、高温発酵飼料由来の好熱菌^[1]のカルディファーマンティバシラス・ヒサシイ（*C.hisashii*）^[1]が、家畜モデルの子牛の下痢を改善（寛解）する仕組みの一端について、統合マルチオミクス解析^[2]によって明らかにしました。

薬剤耐性（AMR: antimicrobial resistance）菌のまん延を防ぐために、抗生物質に頼らない畜産経営が世界的に求められている中で、本研究の成果は、貴重なアプローチの一つであることが示唆されています。

本研究は、科学雑誌『*Microbiome*』オンライン版（8月5日付）に掲載されました。



本研究の概要

背景

2009 年に提唱された「プラネタリーバウンダリー^[3]」は、人類が地球上で持続的に生存するための環境条件における限界点を示す概念で、その限界点の回避は喫緊の課題となっています。中でも、人工的に合成された抗菌薬の生物圏への流入と、それに伴う生物多様性の喪失は、極めて危険なレベルに達しており、感染症に対する人工抗菌薬の過剰な使用は、薬剤耐性菌のまん延を招く可能性が指摘されています。こうした状況に対し、生物多様性の回復、すなわち「ネイチャーポジティブ（自然再興）^[4]」を迅速に進展させること、そして、ヒトと動物の健康を同じ目線で捉えた「One Health（ワンヘルス）^[5]」の取り組みを進めることが世界的な目標として掲げられています。

抗菌薬に依存しない健康管理が求められる中で、その課題が最も切実に現れる場面の一つが、家畜やヒトにおける下痢（消化器疾患）です。例えば、世界的には家畜のみならずヒトにおいても主要な死因の一つが下痢であることが知られています。一般的に、下痢は消化管内の水分や電解質輸送の障害による栄養吸収不良の臨床症状の一つです。畜産業界では家畜の下痢による消化不良が生産性に悪影響を及ぼし、死亡率を増加させます。しかし多くの場合、細菌やウイルス感染以外に可能性のある病因を特定することは困難です。

哺乳類の腸管には多様な微生物が多く生息しており、健康な腸内マイクロバイオームは腸管の上皮細胞を損傷から守ることが知られています。そのため、近年、乳酸菌を用いたプロバイオティクス（健康上の利益をもたらす微生物）や糞便（ふんべん）マイクロバイオータ移植（FMT）による下痢治療が試みられています。

このような時代背景の中で、好熱性のバシラス科（*Bacillaceae*）^[6]を含む好熱菌群を用いたリサイクル技術を活用した発酵産物が、微生物共生系を制御し、植物の肥料や動物の飼料として有用であることが報告されています。その機能性は、理研内外のさまざまな共同研究の連携によって明らかになりつつあります^{注 1~8)}。とりわけ好熱菌の一つである「カルディファーマンティバシラス・ヒサシイ（*C.hisashii*）」が、家畜（ウシ）の腸内細菌叢（さいきんそう）を改善する傾向（短鎖脂肪酸の産生に関与し得るバクテロデス門の増加とメタン産生菌の減少など）があることが明らかになっています。本研究では、このような機能性が、腸内かく乱の一つである下痢の改善に寄与するかどうかを検討しました。

注 1) 2023 年 4 月 28 日プレスリリース「抗菌薬に依存しない仔牛の飼養管理」

https://www.riken.jp/press/2023/20230428_1/

注 2) 宮本浩邦、宮本久、田代幸寛、酒井謙二、児玉浩明、日本生物工学会・生物工学技術賞受賞論文「好熱性微生物を活用した未利用バイオマス資源からの高機能性発酵製品の製造と学術的解明」、生物工学会誌、第 96 巻、第 2 号 p.56-63 (2018)

https://www.sbj.or.jp/wp-content/uploads/file/sbj/9602/9602_gijutsu.pdf

注 3) 2023 年 4 月 12 日プレスリリース「持続可能な農業のための堆肥-土壌-植物相互作用モデル」

https://www.riken.jp/press/2023/20230412_1/

注 4) 2023 年 1 月 12 日プレスリリース「ブルーカーボンのための海草底泥の共生環境を予測」

https://www.riken.jp/press/2023/20230112_3/

注 5) 2022 年 5 月 18 日プレスリリース「炭素・窒素循環を担う昆虫共生細菌系の因果構造」

https://www.riken.jp/press/2022/20220518_3/

注 6) 2022 年 3 月 25 日プレスリリース「好熱菌を黒毛和種仔牛に投与!」

https://www.riken.jp/press/2022/20220325_4/

注 7) 2025 年 8 月 26 日プレスリリース「環境保全型養殖への魚体画像診断イノベーション」

https://www.riken.jp/press/2025/20250826_4/

注 8) 2026 年 2 月 10 日プレスリリース「家畜の暑熱ストレス耐性と腸内環境」

https://www.riken.jp/press/2026/20260210_1/

研究手法と成果

本研究では、上述した腸内環境改善機能を幅広く有する、好熱菌 *C.hisashii* を含む高温発酵混合飼料を基本飼料に極少量（餌重量 1g 当たり 100 個前後）を添加するフィールドモデル試験系（試験農場：大分県にある九州大学農学部附属農場高原農業実験実習場）において、黒毛和種の子牛の下痢が寛解する現象を確認しました。そして、糞中（ふんちゅう）の細菌叢と代謝物に対するマルチオミクス解析データ、ならびに供試プロバイオティクス（善玉菌候補）のゲノム情報に基づいて、作用機序の一端を明らかにすることができました。具体的には次の通りです。

かねてより、現場では、原因不明の下痢の発生が認められる子牛に対して好熱菌 *C.hisashii* を投与すると、下痢症状が寛解する現象を確認していました（図 1a）。そこで、本研究では、下痢発生が認められる子牛を対象とした試験グループを設定した上で、*C.hisashii* 投与前後、ならびに下痢の寛解後の経時変化を観察し、下痢の時間的パターンを統計処理するとともに、糞の性状を評価しました（図 1b）。

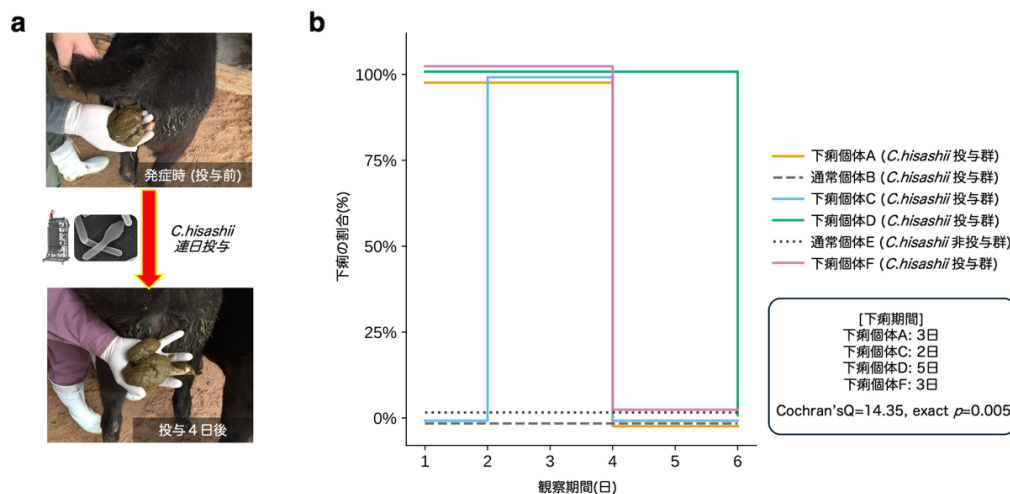


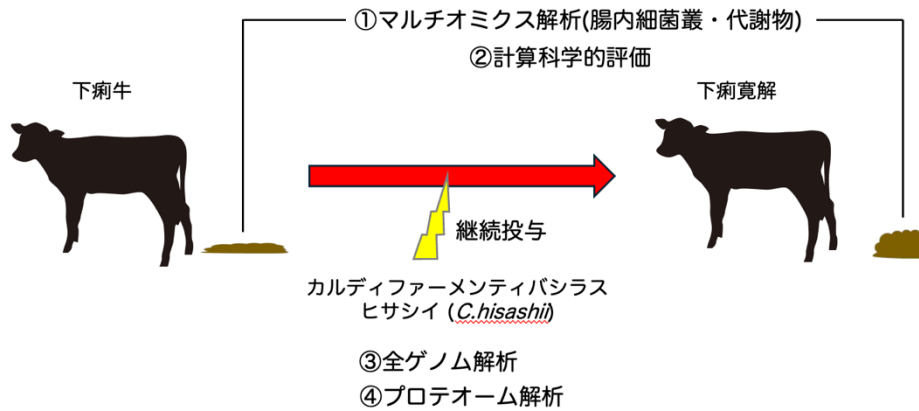
図 1 下痢寛解の経時変化

(a) 下痢発生、ならびに *C.hisashii* 投与後の寛解状態を示す写真。

(b) 下痢個体の経時変化。

次に、糞中の細菌叢と代謝物を対象としたマルチオミクス解析データに基づいて、計算科学的な評価^[7]を加え、さらに当該 *C.hisashii* のゲノム解析データに

基づいて、作用機序の一端を推定しました（図2）。



①マルチオミクス解析 → ②計算科学的評価 & ③全ゲノム解析 & ④プロテオーム解析 → 作用機序推定

図2 本研究の解析手順

下痢牛、ならびに下痢寛解後の排せつ糞を対象としてマルチオミクス解析を実施し、計算科学的な評価を進めた。さらに、投与プロバイオティクスである好熱菌 *C.hisashii* のゲノム解析データに基づいて、統合的な作用機序解明を試みた。

効果量の計算の結果、両群のデータ分布が完全に分離し、一方の群の全データが他方を上回る代謝物として7種類が選抜されました（図3）。中でも、酪酸^[8]、ならびに2-アミノイソ酪酸(AIB)^[9]は重要因子として選抜されました。さらに、*C.hisashii* のゲノム解析データに基づいて、この二つの代謝物について、生合成遺伝子クラスター（BGC）^[10]の有無を確認することができました。

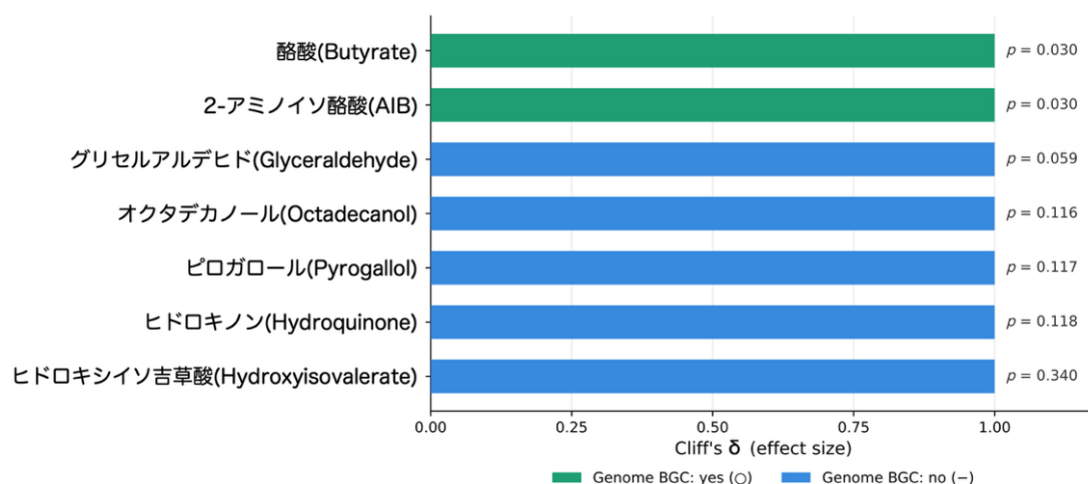


図3 酪酸など7種類の特徴的な代謝物の変化

効果量によって選抜された代謝物群（クリフデルタ解析の値として1.00）を対象として、*C.hisashii* のゲノ

ム上に対応する生合成遺伝子クラスター（BGC）が同定されたものを緑色、同定されなかったものを青色で示している。各棒グラフの右側の p 値は、全グループの割り当てパターンを調べる統計手法である正確並べ替え検定による正確 p 値を示している（有意水準 $p < 0.05$ ）。

さらに、*C. hisashii* 由来の生合成遺伝子クラスターとプロテオーム解析^[11]データを照合しました。酪酸の生合成に関しては、古典的な酪酸発酵経路に関与する五つの酵素（AtoB、ACD、ECH、BHBD、CtfB）をコード（暗号化）する遺伝子クラスターが同定されました（図 4a、b）。AtoB および ECH の二つの酵素はプロテオーム解析においても確認されました。AIB 含有ランチビオティック^[12]の生合成に関しては、antiSMASH 解析^[13]によりランチペプチド Class I の抗菌性ペプチド生合成遺伝子クラスターが予測されました（図 4c）。生合成経路として、前駆体コアペプチド SunA ホモログ（相同体）から脱水、環化（環状構造の形成）、リーダーペプチド切断、排出を経て成熟ランチビオティックに至る経路が推定されました（図 4d）。また、自己耐性システムの構成遺伝子も本クラスター内に同定されました。さらに、図中の lcmF（図 4c）が BCG 内に存在しており、プロテオーム解析でも確認されました。lcmF は酪酸生合成と AIB 生合成をつなぐ代謝的リンクとなる可能性が示唆されました。

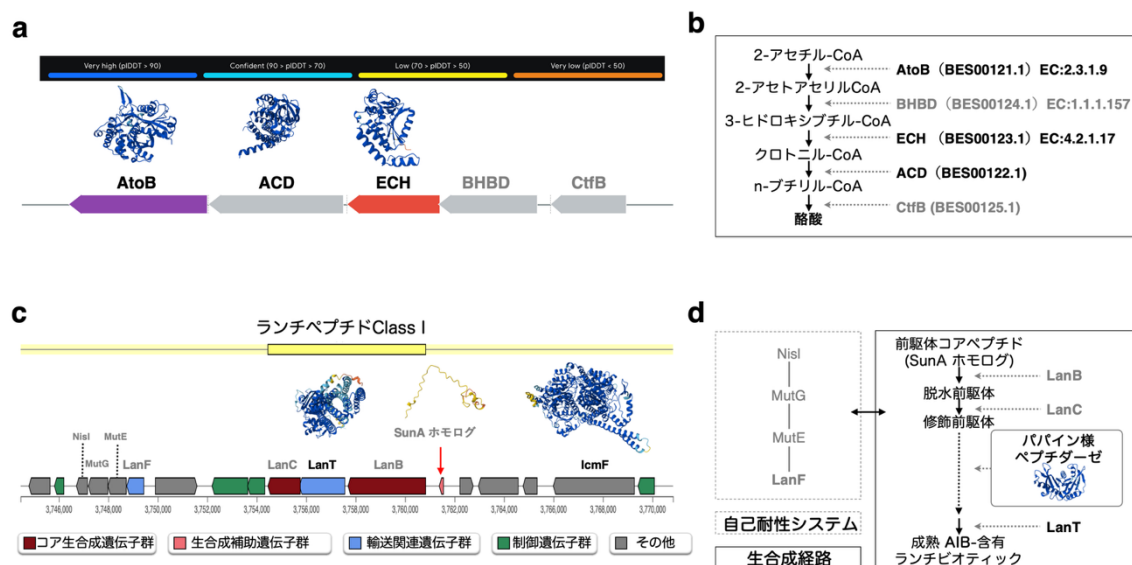


図 4 ゲノム解析とプロテオーム解析に基づく酪酸と 2-アミノイソ酪酸の推定生合成経路

(a) *C. hisashii* における酪酸の生合成遺伝子クラスター。antiSMASH による解析結果を示している。各ブロックは生合成遺伝子クラスターを意味しており、遺伝子配列情報に基づく AtoB、ACD、ECH の三つの酵素の立体構造は、AlphaFold3 (Google DeepMind と Isomorphic Labs が開発した立体構造予測 AI システム) によって推定された。

(b) 酪酸の生合成経路の推定。横の点線矢印はそれぞれの代謝ステップにおける酵素系を示している。

(c) *C. hisashii* におけるランチペプチドの生合成遺伝子クラスター。antiSMASH による解析結果を示している。各ブロックは生合成遺伝子クラスターを意味している。赤矢印の配列は SunA ホモログを示している。ランチビオティックはランチペプチドのカテゴリーに属する。

(d) *C. hisashii* におけるランチビオティックによる生合成経路と自己耐性システム。黒線枠内は生合成経路を示している。灰色点線枠内はランチビオティック合成菌が保有し得る自己耐性システムの存在を示す。

ている。黒色で示した単語はゲノム解析・プロテオーム解析の双方における同定を示している。灰色で示した単語は、ゲノム解析のみで同定されている。

各因子は、プロテオーム解析で検出（黒色）、非検出（灰色）で表した。

以上のように、腸内細菌叢、糞便代謝物、投与菌のゲノムおよびプロテオームを統合したマルチオミクス解析により、*C.hisashii* の酪酸および AIB 含有ランチビオティックの生合成能が腸内代謝環境の調節を介して下痢改善に寄与する可能性が示唆されました。

今後の期待

本研究では、未利用海産資源を 70～80℃ で高温発酵させたりサイクル発酵産物から見いだされた好熱菌 *C.hisashii* の極少量の投与が、家畜モデルである牛の下痢を寛解させる傾向があることをフィールドモデル試験によって明らかにしました。これらの作用機序は、排せつ糞を対象としたマルチオミクス解析データと *C.hisashii* のゲノム解析情報に基づいて、酪酸や 2-アミノ酪酸含有のランチビオティックの生合成遺伝子群のクラスターが関与する可能性が示唆されました。酪酸は、免疫系の制御に関わる短鎖脂肪酸の一つであり、ランチビオティックは、ウイルスを含めた病原性微生物の低減に幅広く関与することが示唆されています。

下痢の制御はもとより、抗菌薬の削減による薬剤耐性菌のまん延を防ぐ取り組みは国際的な課題であり、本研究の成果は循環型社会における、新たな視点をもたらしたといえます。また、前述のように当該発酵産物は動植物の生産性の向上のみならず、環境負荷の軽減（化学肥料や化学農薬の使用軽減や温室効果ガスの発生抑制など）にも効果的であることが部分的に実証されています^{注 1～8}。本菌を含有する資材を用いて農業現場（養鶏、養豚、養殖含む）で生産された農畜水産物は、すでに長年にわたり市場に流通しているものも多く、効率的かつ環境保全型の農畜水産技術の普及に有用である可能性があります。今後は、このような生産現場の努力が目に見える形で評価されることが必要であると考えています。

本研究の成果は、持続可能な開発目標（SDGs）^[14]において、質の高い持続可能な一次産業の創成にもつながるとともに、将来のトランスレーショナルメディシン^[5]、ネイチャーポジティブ、ならびに「One Health（ワンヘルス）」を目指した自然共生社会貢献につながることを期待されます。

論文情報

<タイトル>

Gut-protective metabolic phenotype for diarrhoeal remission caused by an environmental probiotic thermophile

<著者名>

Hirokuni Miyamoto*†, Hideyuki Takahashi *†, Wataru Suda, Haruki Yamano, Yudai Inabu, Hiroaki Kodama, Yumiko Nakanishi, Shigeharu Moriya, Takashi Satoh, Tamotsu Kato, Chie Shindo, Naoko Tsuji, Makiko Matsuura, Chitose Ishii,

Teruno Nakaguma, Tetsuji Etoh, Yuji Shiotsuka, Motoaki Udagawa, Atsushi Kurotani, Kenta Suzuki, Hiroshi Masuya, Satoshi Wada, Shinji Fukuda, Yukihiro Tashiro, Hisashi Miyamoto, Jun Kikuchi, Masahira Hattori, Takumi Nishiuch, Naoki Yamamoto, and Hiroshi Ohno*

(†共同筆頭著者, *共同責任著者)

<雑誌>

Microbiome

<DOI>

[10.1186/s40168-026-02476-9](https://doi.org/10.1186/s40168-026-02476-9)

補足説明

[1] 好熱菌、カルディファーメンティバシラス・ヒサシイ (*C.hisashii*)

好熱菌は、50℃以上で増殖能を有する細菌群の総称。温泉や海底熱鉱床などに生息する。カルディファーメンティバシラス・ヒサシイは、海産資源残渣（ざんさ）を 70～80℃で発酵したリサイクル飼料（高温発酵飼料）から単離された好熱菌の一種であり、マウスや豚に与えると、成長を促進する。学術名は *Caldifermentibacillus hisashii*（旧菌名：*Bacillus hisashii*、ならびに *Caldibacillus hisashii*、国際寄託番号：製品評価技術基盤機構 NITE-BP-863）。詳しくは、下記ページを参照。

National Center for Biotechnology Information

<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/Taxonomy/Browser/wwwtax.cgi?id=996558>

[2] 統合マルチオミクス解析

ゲノム・トランスクリプトーム（mRNA の総体）、プロテオーム（タンパク質の総体）、メタボローム（代謝物の総体）など複数の階層のオミクスデータを統合し、生命現象を多面的・体系的に理解する解析。

[3] プラネタリーバウンダリー

人類が地球上で持続的に生存するための環境条件における限界点を示した概念。

[4] ネイチャーポジティブ（自然再興）

生物多様性の損失を食い止め、自然を回復軌道に乗せ、プラスの状態に持っていくことを目指した国際的な目標。具体的には、2030 年までに生物種の減少や生態系の劣化という流れを反転させることを目指している。

[5] One Health（ワンヘルス）、トランスレーショナルメディシン

ワンヘルスは、ヒト・動物・環境の健康は相互に密接に関連しているという考え方に基づき、分野横断的な連携によってこれらの健康課題に統合的に取り組む国際的な枠組みである。トランスレーショナルメディシンは、基礎研究の成果を、ヒトの治療へ応用して実用化していくプロセス。ヒトに近い大型動物（家畜）での検証を介在させる視点は、こうした応用に向けた橋渡しとして重要になると期待される。

[6] バシラス科 (*Bacillaceae*)

芽胞（がほう）を形成する熱安定性の細菌の一つ。好熱菌のほか、50℃以上では増殖能を有しない耐熱菌が含まれている。

[7] 計算科学的な評価

ここでは、条件間（処理群と対照群など）でのデータの差異を統計的に比較し、有意に変動する分子や特徴量を抽出する解析手法（差分分析）、同一個体における繰り返し2値データ（下痢あり／なし）の時間的変化を検定する手法（Cochran's Q 検定）のことを指す。各個体の下痢発生パターンが偶然では説明できないことを正確並べ替え検定（exact permutation test）により評価している。この検定は、グループラベルを入れ替えたデータの分布（帰無分布）を評価する手法の総称であり、小サンプルでも漸近近似に依存せず信頼性の高い検定が可能である。この研究では、小さいサンプルサイズに適したノンパラメトリックな効果量指標を用いるクリフデルタ解析が用いられた。

[8] 酪酸

腸内細菌がつくる重要な短鎖脂肪酸の一つ。腸管の保護や免疫系において制御性 T 細胞を誘導する。

[9] 2-アミノイソ酪酸（AIB）

非タンパク質性アミノ酸。ランチビオティック（[12]参照）の構成分子の一つになる。AIB は Aminoisobutyric Acid の略。

[10] 生合成遺伝子クラスター（BGC）

微生物二次代謝産物（抗生物質や鉄結合性化合物であるシデロフォアなど）の生合成に関わる全ての遺伝子が、ゲノム上で隣接して存在し、クラスターが形成された領域。転写制御因子などにより、これらの遺伝子は協調的に制御され、効率よく二次代謝産物が生産される。多くの遺伝子クラスターは休眠しており有効活用が期待されている。BGC は Biosynthetic Gene Cluster の略。

[11] プロテオーム解析

細胞や組織に存在する全タンパク質を網羅的に同定・定量し、その発現量や翻訳後修飾などを包括的に明らかにする解析。

[12] ランチビオティック

グラム陽性菌（黄色ブドウ球菌などを含む細菌の一群）に対する抗菌ペプチドの一つであるが、近年は一部のウイルスに対する効果も報告・検討されている。本研究では、ランチペプチド Class I に属するランチビオティックの BGC が確認された。

[13] antiSMASH 解析

微生物などのゲノム配列から、二次代謝産物（抗生物質・天然物など）をつくる生合成遺伝子クラスター（BGC）を自動で検出・分類・解析するバイオインフォマティクス（生命情報科学）ツール。antiSMASH は antibiotics & Secondary Metabolite Analysis Shell の略。

[14] 持続可能な開発目標（SDGs）

2015 年 9 月の国連サミットで採択された「持続可能な開発のための 2030 アジェンダ」にて記載された 2016 年から 2030 年までの国際目標。持続可能な世界を実現するための 17 の目標、169 のターゲットから構成され、発展途上国のみならず、先進国自身が取り組むユニバーサル（普遍的）なものであり、日本としても積極的に取り

組んでいる（外務省のホームページから一部改変して転載）。

共同研究グループ

理化学研究所

生命医科学研究センター

粘膜システム研究チーム

チームディレクター

大野博司（オオノ・ヒロシ）

客員主管研究員

宮本浩邦（ミヤモト・ヒロクニ）

（千葉大学 大学院園芸学研究院 会社）

客員教授、株式会社サーマス、日環科学株式

研究員（研究当時）

中西裕美子（ナカニシ・ユミコ）

専門技術員

加藤 完（カトウ・タモツ）

共生微生物叢研究チーム

チームディレクター

須田 亙（スダ・ワタル）

テクニカルスタッフ I

進藤智絵（シンドウ・チエ）

客員主管研究員（研究当時）

服部正平（ハットリ・マサヒラ）

（東京大学名誉教授、早稲田大学

招聘研究員）

光量子工学研究センター

光量子制御技術開発チーム

専任研究員

守屋繁春（モリヤ・シゲハル）

チームディレクター

和田智之（ワダ・サトシ）

バイオリソース研究センター

統合情報開発室

室長

梶屋啓志（マスヤ・ヒロシ）

研究員

鈴木健大（スズキ・ケンタ）

（横浜国立大学 客員准教授）

環境資源科学研究センター

環境代謝分析研究チーム

チームディレクター

菊地 淳（キクチ・ジュン）

（横浜市立大学 客員教授）

特別研究員（研究当時）

黒谷篤之（クロタニ・アツシ）

（現 農業・食品産業技術総合研究機構 農業情報研究センター データ研究推進室 室長）

九州大学 大学院農学研究院

農学部附属農場高原農業実験実習場

准教授

高橋秀之（タカハシ・ヒデユキ）

学術研究員

山野晴樹（ヤマノ・ハルキ）

（理研 生命医科学研究センター

粘膜システム研究チーム 客員研究員）

技術専門員（研究当時）

衛藤哲次（エトウ・テツジ）

技術専門職員

塩塚雄二（シオツカ・ユウジ）

生命機能科学部門

准教授

田代幸寛（タシロ・ユキヒロ）

千葉大学 大学院園芸学研究院 教授	児玉浩明 (コダマ・ヒロアキ)
金沢大学 疾患モデル総合研究センター 准教授	研究基盤支援施設 西内 巧 (ニシウチ・タクミ)
広島大学 大学院統合生命科学研究科 助教	稲生雄大 (イナブ・ユウダイ)
北里大学 医療衛生学部 血液学研究室 講師	佐藤隆司 (サトウ・タカシ)
慶應義塾大学 先端生命科学研究所 特任教授 (順天堂大学 特任教授、筑波大学 客員教授、千葉大学 客員教授、神奈川県立産業技術総合研究所 グループリーダー、株式会社メタジェン 代表取締役社長 CEO)	福田真嗣 (フクダ・シンジ)
京葉ガスエナジーソリューション株式会社 バイオ事業室 部長 (研究当時)	宇田川元章 (ウダガワ・モトアキ)
株式会社サーマス 研究部門長 主任研究員 研究員 (研究当時) 研究員 (研究当時)	松浦真紀子 (マツウラ・マキコ) 辻 直子 (ツジ・ナオコ) 石井千歳 (イシイ・チトセ) 中熊映乃 (ナカグマ・テルノ)
株式会社三六九 代表取締役	宮本 久 (ミヤモト・ヒサシ)
国立健康危機管理研究機構 名誉所員 (東京医科歯科大学 (現 東京科学大学) 名誉教授)	山本直樹 (ヤマモト・ナオキ)

謝辞

本研究の供試プロバイオティクスであるカルディファーメンティバシラス・ヒサシイ (発見当時、*Bacillus thermoamylovorans* の近縁種であり、その後、*Bacillus hisashii* として新菌種登録) の単離成功後の同定解析 (DOI: [10.1099/ijsem.0.000516](https://doi.org/10.1099/ijsem.0.000516)) において、多大なるご尽力を賜った故・森田英利先生 (研究当時麻布大学教授、その後、岡山大学教授) のご冥福を心よりお祈り申し上げます。

発表者・機関窓口

<発表者> ※研究内容については発表者にお問い合わせください。

理化学研究所

生命医科学研究センター

粘膜システム研究チーム

チームディレクター

大野博司 (オオノ・ヒロシ)

客員主管研究員

宮本浩邦 (ミヤモト・ヒロクニ)

共生微生物叢研究チーム

チームディレクター

須田 亙 (スダ・ワタル)

客員主管研究員 (研究当時)

服部正平 (ハットリ・マサヒラ)

光量子工学研究センター 光量子制御技術開発チーム

チームディレクター

和田智之 (ワダ・サトシ)

バイオリソース研究センター 統合情報開発室

室長

榎屋啓志 (マスヤ・ヒロシ)

環境資源科学研究センター 環境代謝分析研究チーム

チームディレクター

菊地 淳 (キクチ・ジュン)

Email: hirokuni.miyamoto@riken.jp (宮本)

九州大学 大学院農学研究院

准教授

高橋秀之 (タカハシ・ヒデユキ)

千葉大学 大学院園芸学研究院

教授

児玉浩明 (コダマ・ヒロアキ)

金沢大学 疾患モデル総合研究センター

准教授

研究基盤支援施設

西内 巧 (ニシウチ・タクミ)

広島大学 大学院統合生命科学研究科

助教

稲生雄大 (イナブ・ユウダイ)

北里大学 医療衛生学部

講師

佐藤隆司 (サトウ・タカシ)

慶應義塾大学 先端生命科学研究所

特任教授

福田真嗣 (フクダ・シンジ)

国立健康危機管理研究機構

名誉所員

山本直樹 (ヤマモト・ナオキ)

<発表者のコメント>

好熱菌関連の研究には多くの方々のご協力・ご支援をいただいております、改めて感謝申し上げます。本文中では記載できない点として、大学院でお世話になった末松誠先生（元・慶應義塾大学医学部長）のご紹介により伊藤喜久治先生（元・東京大学農学部教授）とのご縁が生まれ、複数種の好熱菌群の中から腸内生着性の高い候補菌群の発見につながりました。その後、畜産分野における適用試験が進み、九州大学の髙橋秀之先生（共同筆頭著者・共同責任著者）の現場での観察から好熱菌の一つ *C.hisashii* が下痢の寛解に有効である可能性が検討されました。これと並行して、千葉大学の児玉浩明先生、ならびに理研生命医科学研究センターの須田亙先生（いずれも共著者）らとともに好熱

菌のゲノム解析を進めており、両者の成果を融合することで、本研究をまとめることができました。この研究の過程では、恩師でもある山本直樹先生（共著者）のご助言も踏まえて、本論文内では触れていないさまざまな検証をしており、今後のさらなる展開を期待しております。（宮本浩邦）

<機関窓口>

理化学研究所 広報部 報道担当

Tel: 050-3495-0247

Email: ex-press@ml.riken.jp

九州大学 広報課

Tel: 092-802-2130

Email: koho@jimmu.kyushu-u.ac.jp

千葉大学 広報室

Tel: 043-290-2018

Email: koho-press@chiba-u.jp

金沢大学 医薬保健系事務部総務課総務係

Tel: 076-265-2109 Fax: 076-234-4202

Email: t-isomu@adm.kanazawa-u.ac.jp

広島大学 広報室

Tel: 082-424-4383

Email: koho@office.hiroshima-u.ac.jp

学校法人北里研究所 広報室

Tel: 03-5791-6422

Email: kohoh@kitasato-u.ac.jp

慶應義塾大学先端生命科学研究所 渉外担当

Tel: 0235-29-0802

Email: pr2@iab.keio.ac.jp

国立健康危機管理研究機構 危機管理・運営局 広報管理部

Tel: 03-3202-7181

Email: press@jihs.go.jp