

<目的>腸内細菌叢(フローラ)は食べ物, 加齢, 疾病などによって変化し、そのあり様は健康維持にとって重要なものである。近年、そのフローラの変化の方向性は各環境の中でどのようになるか、ということが次第に解明されつつある。しかし、異なった環境に棲息する同一腸内細菌がどのような代謝産物を生ずるか、そしてそれがどの様にホストの健康維持に関与するかについてはまだ不明の点が多く残されている。本研究ではこの点を明らかにすることを目的としてラットより腸内細菌を分離同定し、次いでそれらを用いて各栄養源の代謝産物の検討を行った。

<方法>①ラット叢を無菌的に採取し、LBS, PEES, TATAC, DHLの各選択培地を用いて常法により、嫌気性菌と好気性菌を分離しグラム染色後、APIを用いて同定した。②分離した細菌について、生長曲線, 至適条件などを測定後、100%カザミノ酸を含んだG培地に生育させ、アミノ酸の消長をHPLCにより検討した。又、消長の大きかったアミノ酸を単独でG培地に加え、その代謝産物を、ガスクロマトグラフ, HPLCで検索した。

<結果>①ラット叢より腸内細菌を約20種、分離同定した。その中のProteus mirabilis, Escherichia coli, Veillonella, Clostridiumを用いて実験した。生長曲線としてはE. coliがもっとも早く、至適温度は何れも30~37°C, 至適pHについてはE. coliがpH8~9であった。Proteus, E. coliなどにおいてArg, Valをはじめ、各アミノ酸の資化性が優れていた。又、この時、ペプチド様物質も生成しているのが認められた。