

Diversity and Activities of Lactic Acid Bacteria and Bifidobacteria in the Human Intestine Assessed by Molecular Approaches

Elaine E. Vaughan

Short CV

Unilever R & D, Vlaardingen; and Wageningen University, the Netherlands

Elaine E. Vaughan obtained her PhD in 1991 from University College Cork, Ireland on the molecular microbiology of dairy starter cultures. She was awarded an EU grant for a postdoctorate at NIZO food research where she studied carbohydrate metabolism in streptococci and leuconostoc. She subsequently did a postdoctorate at Nestle, Switzerland where she studied genomics of probiotic bacteria. In 1999 she returned to the Netherlands and took up a position at the Laboratory of Microbiology, Wageningen University investigating the complex microbial ecosystems of the human gastrointestinal tract and fermented foods. The (co)author of numerous professional publications on the microbial ecology of the human intestinal tract including the activity and functionality of microbiota, she has supervised many PhD students on these subjects. She serves as a reviewer for several international journals. She remains part time assistant professor at Wageningen University, while she mainly works at the Unilever Food and Health Research Institute of Unilever R&D, Vlaardingen, The Netherlands as skillbase leader in the Food Microbiology group.



Diversity and Activities of Lactic Acid Bacteria and Bifidobacteria in the Human Intestine Assessed by Molecular Approaches

Elaine E. Vaughan

Unilever R&D, Olivier van Noortlaan 120, 3133 AT Vlaardingen; Wageningen University, Laboratory of Microbiology, Hesselink van Suchtelenweg 4, CT 6703, Wageningen; The Netherlands

The human gastrointestinal tract is colonised by a myriad of microbial organisms termed the microbiota, comprising at least 10^{13} microbes of over a 1000 species, dominated by anaerobic types (Zoetendal et al. 2006). The digestive tract offers a relatively non-hostile environment and supply of nutrients that is produced and consumed by the host. The microbiota contribute to diverse processes including roles in host nutrition, intestinal epithelial development and activity, educates the immune system, maintains the integrity of the mucosal barrier, and contributes to drug/xenobiotic metabolism amongst other functions (Bäckhed et al. 2004). Consumers are increasingly aware that diet and health are linked which stimulates innovative development of novel products by the food industry, including functional foods such as probiotics. During the last few years novel benefits of adding specific lactic acid bacteria (LAB) probiotic strains to our food are being discovered (Saxelin et al. 2005). This is not so surprising considering we have co-evolved together with our intestinal microbes over millions of years, and the microbiota have been programmed to manipulate networks of genes (Rawls et al. 2004). While the lactic acid bacteria and bifidobacteria (LAB&B) have been scientifically important for over a century, the LAB&B that are currently marketed as probiotics have become a valuable and rapidly expanding sector of the food market, leading functional foods in many countries. The human gastro-intestinal tract with its various compartments and complex microbiota is the target of the probiotic containing functional foods. Today culture independent approaches, such as PCR-denaturing gradient gel electrophoresis (DGGE) using 16S rRNA primers and fluorescent *in situ* hybridisation using 16S rRNA probes, have been established for monitoring and identifying the microbiota groups within complex ecosystems, especially for lactobacilli and bifidobacteria populations (Vaughan et al. 2005). The rising number of genome sequences and application of molecular technologies such as high throughput functional genomics, is already revealing and providing novel options to explore the environmental flexibility and adaptability of the LAB to the digestive tract (de Vries, 2006). In the absence of complete genome sequences, smart man arrays based on clone libraries of genomic DNA are also being used to study the community transcriptomes of commensal bifidobacteria from the human intestinal faecal ecosystem (Klaassens et al. 2005). Application of these molecular tools to gain insight in LAB&B-host interactions will be presented.

1. Zoetendal EG, Vaughan EE de Vos WM (2006) A microbial world within us. In press.
2. Saxelin M, Tynkkynen S, Mattila-Sandholm T, de Vos WM (2005) Probiotic and other functional microbes: from markets to mechanisms. *Curr Opin Biotechnol.* 16: 204-211.
3. Bäckhed F, Ley RE, Sonnenburg JL, Peterson DA, Gordon JI (2005) Host-bacterial mutualism in the human intestine. *Science* 5717: 1915-1920.
4. Rawls JF, Samuel BS, Gordon JI (2004) Gnotobiotic zebrafish reveal evolutionarily conserved responses to the gut microbiota. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 101: 4596-4601.
5. Vaughan EE, Heilig HG, Ben-Amor K, de Vos WM. (2005) Diversity, vitality and activities of intestinal lactic acid bacteria and bifidobacteria assessed by molecular approaches. *FEMS Microbiol Rev.* 29:477-490.
6. de Vries MC. *In Analyzing Global Gene Expression of Lactobacillus plantarum in the Human Gastro-Intestinal Tract.* Thesis, Wageningen University, Wageningen Center for Food Sciences, The Netherlands.
7. Klaassens E, Vaughan E, Schuren F, Boesten R, de Vos WM (2006) unpublished data.

ヒト腸内乳酸菌およびビフィズス菌の多様性と活性の分子アプローチ評価

イレーヌ・E・ボーガン

Unilever R&D, Olivier van Noortlaan 120, 3133 AT Vlaardingen; Wageningen University,
Laboratory of Microbiology, Hesselink van Suchtelenweg 4, CT 6703, Wageningen; The
Netherlands

ヒト胃腸管内には無数の微生物叢 (microbiota) と称される主に嫌気性の1000種以上の微生物が一兆個以上生息している (Zoetendalらが2006年に報告)。消化管内の環境は微生物にとって比較的都合が良く、宿主によって産生および消費される栄養素も供給される。この微生物叢は宿主の栄養摂取、腸上皮の増殖と活性、免疫機構の発達、完全な粘膜閉鎖の維持、薬物/生体異物代謝への寄与など、さまざまなプロセスに寄与している (Bäckhedらが2004年に報告)。消費者は食事と健康がプロバイオティクスのような機能性食品を含めた食品業界の革新的食物製品の開発と密接な関係があることをますます理解しつつある。特定の乳酸菌 (LAB) プロバイオティクス細菌を食物に添加することによって新たな恩恵を得られるということが、ここ数年の間に分かってきている (Saxelinらが2005年に報告)。何百年も前から我々が腸内微生物とともに進化してきていることや、この微生物叢は遺伝子ネットワークを操作するようにプログラムされていることは周知の事実となっている (Rawlsらが2004年に報告)。乳酸菌とビフィズス菌 (LAB&B) の科学的重要性については100年以上も前から注目が寄せられるなか、現在プロバイオティクスとして市場に出回っているLAB&Bは食品業界の一領域としての意義を急速に拡大しつつあり、多くの国々で機能性食品の代表的存在となっている。複雑な微生物叢が多岐にわたって存在するヒトの胃腸管は、機能的食品を含めるプロバイオティクの標的となっている。特に乳酸菌とビフィズス菌については、複雑な生態系の微生物叢を観察および特定するために、現在では16S rRNAプライマーを用いたPCR-denaturing gradient gel electrophoresis (DGGE) や16S rRNAプローブを用いた蛍光 *in situ* ハイブリダイゼーション法といった培養に依存しない手法が構築されるようになった (Vaughanらが2005年に報告)。多様なゲノム配列とハイスループット機能ゲノム科学のような分子テクノロジーの応用により、消化管に対するLABの環境柔軟性と適応能力を探索するための新しい技術が生み出されている (de vriesの2006年の報告)。ゲノム配列は完全に解明されているわけではないが、ゲノムDNAのクローンライブラリーに基づく高性能配列 (smart man arrays) もまた、ヒト腸内の糞便生態系による共生ビフィズス菌のコミュニティトランスクリプトームの研究に応用されている (Klaassensらが2005年に報告)。これらの分子手法を応用することによって、LAB&Bと宿主との関係を探索することができる。

イレーヌ・E・ボーガン

略歴

オランダのユニリーバ R & D (フラールディングン) ならびにワーゲニンゲン大学所属

イレーヌ・E・ボーガンは、乳製品のスタータ・カルチャーの分子微生物学に関する研究で、1991年にアイルランドのコークカレッジ大学より博士号を取得している。彼女が博士研究員 (postdoctorate) として連鎖球菌およびロイコノストックの炭水化物代謝に関する研究を行ったNIZOフードリサーチでは、EU grantの授与を受けている。その後スイスのネスレ社にて博士研究職を勤め、プロバイオティック・バクテリアのゲノム科学を研究した。1999年にオランダに帰国した後は、ワーゲニンゲン大学微生物研究所にて、「ヒト胃腸管の複雑な微生物生態系と発酵食品」の研究を行った。微生物叢の活動と機能を含めたヒト腸管の微生物生態系に関しては複数の論文を発表している彼女は、これまでこれらの分野で数多くの博士号学生を指導してきた。また、複数の国際専門雑誌の校閲も行っている。現在はワーゲニンゲン大学の非常勤助教授を務めながら、主にオランダのフラールディングン所在ユニリーバ R&Dのユニリーバ食品健康研究所にて食品微生物グループのスキルベースリーダーも兼任している。