

# 全ての細菌とより良い共存・共生関係を構築するための新規手法の開発

Development of new methods for better coexistence and symbiotic relationships with all bacteria

## 研究分野

Department

生体分子応用科学  
Biomolecular Science and Application

## 研究者

Researcher

山崎聖司  
S. Yamasaki

## キーワード

Keyword

細菌共存学、薬剤耐性菌、腸内細菌、健康管理  
Bacterial Coexistence Science, Antibiotic Resistant Bacteria, Gut Bacteria, Health Management

## 応用分野

Application

細菌排出ポンプ阻害剤、細菌検出ナノデバイス、スマートヘルスケア  
Bacterial efflux pump inhibitors, Bacteria Detection Nanodevices, Smart Healthcare

## 研究開発段階

基礎

実用化準備

応用化

## 背景

近年、薬剤耐性菌および腸内細菌に関する世間の注目度は非常に高まっています。さらに、抗生物質使用による腸内フローラの乱れの問題や、腸内フローラによる病原菌感染防御機構の存在等、両者は密接に関わっていることが明らかになりつつあります。

## 概要・特徴

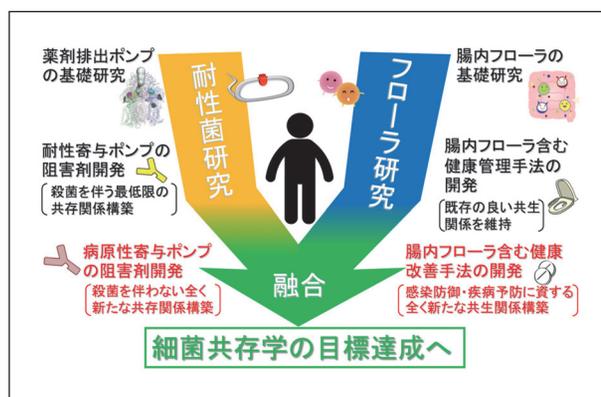
本研究分野では、ヒトに害を為す細菌・有用な細菌を含めた、全ての細菌とうまく「お互い攻撃し合うことなく共に生存していく（共存）」「共に助け合って生きていく（共生）」ために、常に両者を考慮しながら研究を進める新たな学問「細菌共存学」の開拓と発展に取り組んでいます。

## 技術内容

- 薬剤耐性に関わる細菌排出ポンプの機能解析技術を用いて、抗生物質との併用を想定した排出ポンプ阻害剤の開発を進めています。
- 病原性に関わる細菌排出ポンプを見出し、もはや抗生物質が不要となる全く新たな治療法の創出を目指しています。
- 大型の異分野融合・産官学連携研究の経験を活かして、腸内フローラ含む健康管理および改善手法の開発を進めています。

## 社会への影響・期待される効果

細菌関連の社会課題解決にとどまらず、生物に関する幅広い知識を有する薬学系の研究分野として、異分野融合型の研究を積極的に牽引・推進し、早期の社会実装を見据えた応用開発を速やかに進めていくことで、人々の健康維持・安心安全な社会の構築に大きく貢献していきます。



researchmap



## 【論文 Paper】

- [1] Biol. Pharm. Bull. (2025) in press. Point mutation analysis of the drug efflux pump MexB in clinical isolates of *Pseudomonas aeruginosa*.
- [2] Proc. Jpn. Acad. Ser. B Phys. Biol. Sci. 100 (2024) 57-67. Changes in the expression of mexB, mexY, and oprD in clinical *Pseudomonas aeruginosa* isolates.
- [3] Front. Microbiol. 14 (2023) 954304. Investigating multidrug efflux pumps associated with fatty acid salt resistance in *Escherichia coli*.
- [4] Antimicrob. Agents Chemother. 66 (2022) e00672-22. Spatial Characteristics of the Efflux Pump MexB Determine Inhibitor Binding.
- [5] Front. Microbiol. 11 (2020) 581571. Identification of Genetic Variants via Bacterial Respiration Gas Analysis.
- [6] Nature Commun. 9 (2018) 124. Multiple Entry Pathways within the Efflux Transporter AcrB Contribute to Multidrug Recognition.
- [7] Nature 500 (2013) 102-106. Structural Basis for the Inhibition of Bacterial Multidrug Exporters.
- [8] Nature 480 (2011) 565-569. Structures of the Multidrug Exporter AcrB Reveal a Proximal Multisite Drug-Binding Pocket.