

炎症性腸疾患における腸内微生物叢のメタゲノム解析

Metagenomic analyses of intestinal microbiota affected by inflammatory bowel disease

京都大学 化学研究所 化学生命科学研究領域

西山 拓輝

研究成果概要

本研究では、京都大学化学研究所スーパーコンピュータシステムを利用して、腸内微生物叢のメタゲノムの解析を実施した。具体的には、(1) 近畿大学の櫻井俊治博士等との共同研究において癌タンパク質であるガンキリンの遺伝子ノックアウトが炎症性腸疾患モデルマウスの腸内細菌叢の群集構造に及ぼす影響について細菌性 16S rRNA 遺伝子解析により調査を行い、(2) Nantes 大学の Samuel Chaffron 博士等との共同で実施した予備研究において IBDMDB ([www.ibdmdb.org](http://www.ibdmdb.org)) から取得した炎症性腸疾患患者と健常者の腸内微生物群集の全メタゲノム配列から metagenome-assembled genomes (MAG) を構築した。

本研究において、次世代シーケンサーから得られた塩基配列からの低品質領域やプライマー配列の除去に Trimmomatic や Cutadapt 等のツールを使用した。これらの配列に対し、細菌性 16S rRNA 遺伝子の解析では QIIME 等のツールを用いて操作的分類群解析を実施し、全メタゲノム解析では IDBA-UD や BinSanity 等のツールを用いて MAG を構築した。

発表論文(謝辞あり)

該当なし

発表論文(謝辞なし)

該当なし