

MAGs による、腸内細菌叢比較ゲノム解析
Gut microbial competitive genome analysis by MAGs

東京工業大学 生命理工学院 生命理工学系 山田研究室 中村 祐哉

研究成果概要

次世代シーケンサーの普及から、環境中の微生物群集のゲノムを解析する技術であるメタゲノム解析が発達している。メタゲノム解析では、従来は環境中の細菌の各系統の存在量や遺伝子存在量を計算し解析を行うが、近年では、大きく技術が発達し、メタゲノムデータから、その環境中に含まれる細菌の個別ゲノムを再構築することが可能になってきた (MAGs; Metagenome Assembled Genomes)。この MAGs は特に、ヒト腸内細菌群集の解析において特に注目されており、2019 年には複数の研究グループによって、公開されているヒト腸内細菌メタゲノムデータセットから大規模に MAGs を構築する研究が行われた。そこで本研究では、京都大学科学研究所スーパーコンピュータシステムを利用し、現時点で報告されているすべての腸内細菌 MAGs を統合したデータベースを開発し、腸内細菌 MAGs 間のゲノム比較解析することを目指した。