

メタゲノムの組成に基づく比較法の開発

Development of a method to compare metagenome based on composition

京都大学化学研究所 バイオインフォマティクスセンター 化学生命科学領域 荒巻 拓哉

研究成果概要

海水や土壌、ヒトの腸といった場所に存在する微生物の DNA を、培養せずに網羅的に配列決定し、解析することをメタゲノム解析と呼ぶ。本研究では、実験で得られた塩基配列やアミノ酸配列について調べる際に RefSeq などのデータベースから類似した配列を検索するのと同様に、得られたメタゲノムと類似したものをデータベースから検索することができれば有用であると考え、その方法を開発し、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実際に比較を行った。

具体的な比較法は次のとおりである。ゲノムネット(<http://www.genome.jp/>)において公開されているリファレンス遺伝子セット RefGene にクエリーとなるメタゲノム配列をマッピングし、マップされたリファレンス配列の情報から元のメタゲノムの生物学的、および機能的分類の組成を推定する。KEGG MGENES データベースのメタゲノムについてあらかじめこれらの組成を計算しておき、この組成とクエリーの組成との類似度をメタゲノムの類似度とした。

この方法を、公共データベースから得たメタゲノムサンプルをクエリーとして適用した。このサンプルは炎症性腸疾患の 1 つであるクローン病患者の腸内から採取されたもので、MGENES にも炎症性腸疾患の患者のメタゲノムが収録されている。クローン病と腸内細菌叢の関係は以前から指摘されており、MGENES の炎症性腸疾患のメタゲノムとその他のメタゲノムとではクエリーとの類似度が異なることが予想されたが、比較の結果そのような違いは認められなかった。

今後はこの比較法の改善、およびクローン病患者のメタゲノムと MGENES サンプルとの比較で違いが見られなかった理由についての解析を行う予定である。

発表論文(謝辞あり)

発表論文(謝辞なし)

本年は共になし。