

## 真菌叢解析手法の構築

元岡 大祐

大阪大学 微生物病研究所

専門分野・キーワード：メタゲノム、感染症、生命情報科学

自己紹介：共同利用・共同研究拠点で、次世代シーケンサーを用いた共同研究や受託解析を行っております。



常在細菌叢は、遺伝的背景や食事などの生活環境や免疫機能などと密接に関わっていることがわかっており、宿主免疫系や様々な疾患との関連に対する研究が急速に進んできている。我々は、常在細菌の獲得・消失過程と健康状態との関連に注目しており、腸内細菌のみならず、鼻腔、口腔、皮膚や各種消化管部位についての細菌叢解析を行ってきた。一方、腸内には細菌のみならず、多様な真菌も存在している。その絶対数は腸内全微生物の約 0.1% と非常に少ないが、アレルギー性疾患や自己免疫疾患と関与していることが報告されている。それ故、種々の疾患と常在微生物の関係性を明らかにする上では、腸内細菌のみならず、腸内真菌叢の役割も重要であると考えられる。しかし、真菌叢解析に用いることができるデータベースや解析手法についての報告例は少なく、真菌叢が宿主に及ぼす影響についての理解が進んでいないのが現状である。また真菌種の同定には、ITS 領域の一部である ITS1 領域が主に用いられているが、細菌叢解析に用いられる 16S rRNA 遺伝子とは異なり、ITS1 は種によって様々な長さで存在する。それ故、リード長が 2~300bp と短い NGS では各真菌の割合を正しく見積もることが難しい。

そこで今回、真菌叢解析用データベースを構築するとともに、腸内に存在する真菌 (15 属、26 種) の混合サンプルを用いて新たな真菌叢解析手法を構築した。本発表では、構築した真菌叢解析手法を紹介するとともに、さらに構築した手法を用いて、様々な人種や疾患の腸内真菌叢を解析した結果を紹介する。