

NCGG SEMINAR

ヒト腸内環境ビッグデータを利用した 疾患予防と治療の可能性について

山田 拓司 先生

Dr. Takuji Yamada

東京工業大学 大学院生命理工学研究科
生命情報専攻 准教授



2016年7月26日(火) 16:00~17:00

第1研究棟 2階 小会議室

ヒトの腸内には1000種、100兆個体を超える数多くの細菌が共生している。次世代シーケンサーを活用した近年のメタゲノム解析により、ヒト腸内細菌研究は飛躍的な進歩をみせている。

我々のグループではヒト腸内環境に関わる様々なデータを収集している。糞便由来の腸内細菌メタゲノム、メタボローム、内視鏡による臨床データ、さらには475項目に上る食習慣、生活習慣のデータである。これらの半数は大腸がん患者由来のサンプルであり、腸内環境の特徴から超初期大腸がんの診断に関わるオミクスマーカー探索を行っている。今回、これらのデータを蓄積しているデータベースや情報解析の手法について概説する。

[参考文献]

1. Nishimoto Y, Mizutani S, Nakajima T, Hosoda F, Watanabe H, Saito Y, Shibata T, Yachida S, **Yamada T**. High stability of faecal microbiome composition in guanidine thiocyanate solution at room temperature and robustness during colonoscopy. *Gut*. pii: gutjnl-2016-311937 (2016).

2. Zeller G, Tap J, Voigt AY, Sunagawa S, Kultima JR, Costea PI, Amiot A, Böhm J, Brunetti F, Habermann N, Hercog R, Koch M, Luciani A, Mende DR, Schneider MA, Schrotz-King P, Tournigand C, Tran Van Nhie J, **Yamada T**, Zimmermann J, Benes V, Kloor M, Ulrich CM, von Knebel Doeberitz M, Sobhani I, Bork P. Potential of fecal microbiota for early-stage detection of colorectal cancer. *Mol Syst Biol*;10:766 (2014)

3. Arumugam, M., Raes, J., Pelletier, E., Le Paslier, D., **Yamada, T.**, Mende, D.R., Fernandes, G.R., Tap, J., Bruls, T., Batto, J.M., Bertalan, M., Borruel, N., Casellas, F., Fernandez, L., Gautier, L., Hansen, T., Hattori, M., Hayashi, T., Kleerebezem, M., Kurokawa, K., Leclerc, M., Levenez, F., Manichanh, C., Nielsen, H.B., Nielsen, T., Pons, N., Poulain, J., Qin, J., Sicheritz-Ponten, T., Tims, S., Torrents, D., Ugarte, E., Zoetendal, E.G., Junwang, Guarnier, F., Pedersen, O., de Vos, W.M., Brunak, S., Dore, J., Consortium, M., Weissenbach, J., Ehrlich, S.D. and Bork, P. Enterotypes of the human gut microbiome. *Nature*. 473 (7346), 174-180 (2011)

連絡先：老化機構研究部 丸山 (5002)