

講演番号：2A03-02

質疑応答日時、会場：3月19日 10:00～ ミーティングルームA

日本人とインドネシア人の乳幼児の腸内メタゲノム比較解析

Comparative metagenomic analysis of gut microbiome of Indonesian and Japanese infants

○清野 峻彦<sup>1</sup>、堀野 美里<sup>1</sup>、田中 優<sup>1</sup>、山田 拓司<sup>2</sup>、林 哲也<sup>3</sup>、後藤 恭宏<sup>3</sup>、加藤 聖子<sup>3</sup>、實藤 雅文<sup>4</sup>、諸隈 誠一<sup>3</sup>、小川 昌宣<sup>4</sup>、Endang Rahayu<sup>5</sup>、中山 二郎<sup>1</sup> (<sup>1</sup>九州大学院農、<sup>2</sup>東工大生命理、<sup>3</sup>九州大学院医、<sup>4</sup>九州大環境発達医学研究センター、<sup>5</sup>ガジャ・マダ大農工)

○Toshihiko SEINO<sup>1</sup>, Misato HORINO<sup>1</sup>, Masaru TANAKA<sup>1</sup>, Takuji YAMADA<sup>2</sup>, Tetsuya HAYASHI<sup>3</sup>, Yasuhiro GOTO<sup>3</sup>, Kiyoko KATO<sup>3</sup>, Masahumi SANEHUI<sup>4</sup>, Seiichi MOROKUMA<sup>3</sup>, Masanobu OGAWA<sup>4</sup>, Rahayu Endang<sup>5</sup>, Jiro NAKAYAMA<sup>1</sup> (<sup>1</sup>Kyushu Univ., <sup>2</sup>Tokyo Institute of Technology, <sup>3</sup>Kyushu University, <sup>4</sup>Kyushu Uni., <sup>5</sup>Gadjah Mada Univ.)

出生後の腸内細菌叢は、授乳や離乳のみならず、様々な生活環境の影響を受け、無菌状態から複雑な形態へと発達していく。本研究では、出産後の生育環境が腸内細菌叢の発達にどのような影響を与えるか解明するために、日本人とインドネシア人の乳幼児の腸内メタゲノム解析を行った。本研究では、日本人(n=48)、インドネシア人(n=36)の計 84 糞便サンプルより抽出した全細菌 DNA から、Illumina 社 HiSeq を用いてペアエンド・ショットガン解析を行うことで DNA 配列を決定した。そして、MG-RAST version 4.0.3 を用いて各サンプルの種レベルでの細菌組成と遺伝子機能情報を獲得した。その結果、まず両国とも離乳前は *Bif.longum* と *Bif.breve* が優勢であり、離乳後は *Bif.adolescentis* と *Bif.dentium* が優勢であった。インドネシア人において約半数で離乳後に *Prevotella* が優勢になることが確認された。また、日本人において特徴的に *Veillonellaceae* が離乳前から、*Clostridium bolteae*, *Clostridium difficile*, *Ruminococcus gnavus* が離乳後から有意に多くなっていた。機能遺伝子に着目すると、ガラクトース代謝遺伝子と一次胆汁酸代謝遺伝子が離乳前のインドネシア人乳児で有意に多く、リポ多糖生合成遺伝子が離乳前の日本人乳児で有意に多かった。以上の結果は、両国間における腸内環境の違いの要因を明らかにするためのさらなる研究の必要性を示唆している。

To address how growing environment affects the development of gut microbiota after birth, we performed comparative metagenomic study on the microbiome of Japanese and Indonesian infants. We collected 84 fecal samples from Japanese (n=48) and Indonesian (n=36) infants. The DNA sequences were obtained by shot-gun and paired-end sequencing using Illumina Hiseq genome sequencer. Subsequently, MG-RAST version 4.0.3 was used to obtain and analyze the composition of functional genes and bacteria composition at species level. As a result, in both country, domination by Bifidobacterium was observed under lactation. *Bif.longum* and *Bif.breve* was dominant in both countries, while *Bif.adolescentis* and *Bif.dentium* replaced after weaning. After weaning, *Prevotella* appeared especially in Indonesian while Bacteroides appeared as dominant in both countries. Also, it was found that *Veillonellaceae* from pre-weaned period and *Clostridium bolteae*, *Clostridium difficile*, and *Ruminococcus gnavus* after pre-weaned were more abundant in Japanese. At function level, galactose metabolism genes and primary bile acid metabolism genes were significantly more abundant in Indonesian infants, while lipopolysaccharide biosynthesis genes were significantly more abundant in Japanese infants. These results warrant further study to find factors leading the differences between the two countries.

metagenomic analysis, gut microbiota, functional gene