

●本研究のフローチャートを図 1 に示した。

●このフローチャートに従い、研究を進めているが、これまでの進捗状況は以下の通りである。

(1) これまでに、健常人（がん研健診センター受診者）967 名（男 478:女 489）および大腸癌患者（外来初診未治療時）512 名（男 271 : 女 241）の血清および便の回収を終了した。

(2) 糞便サンプルから DNA を抽出し、原核生物に共通して保有されている 16S rRNA 遺

伝子の viable region1, 2 をターゲットに PCR で増幅し、増幅した配列を次世代シーケンサー Miseq でシーケンシングを行った。得られた膨大なシーケンスデータをもとに、operational taxonomic units(OTU) と呼ばれる単位でひとつにまとめる、OTU 化を行った。その後、linear

discriminant analysis effect size (LEFSE) という統計学的手法を用いて、健常人群と大腸癌患者群との間で菌体数に有意差のある腸内細菌を複数種類同定した (図 2)。

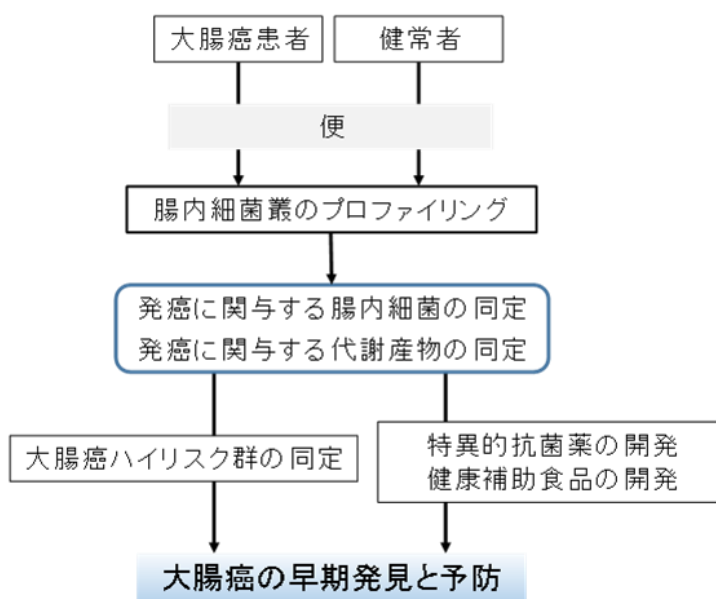


図1 ロードマップ

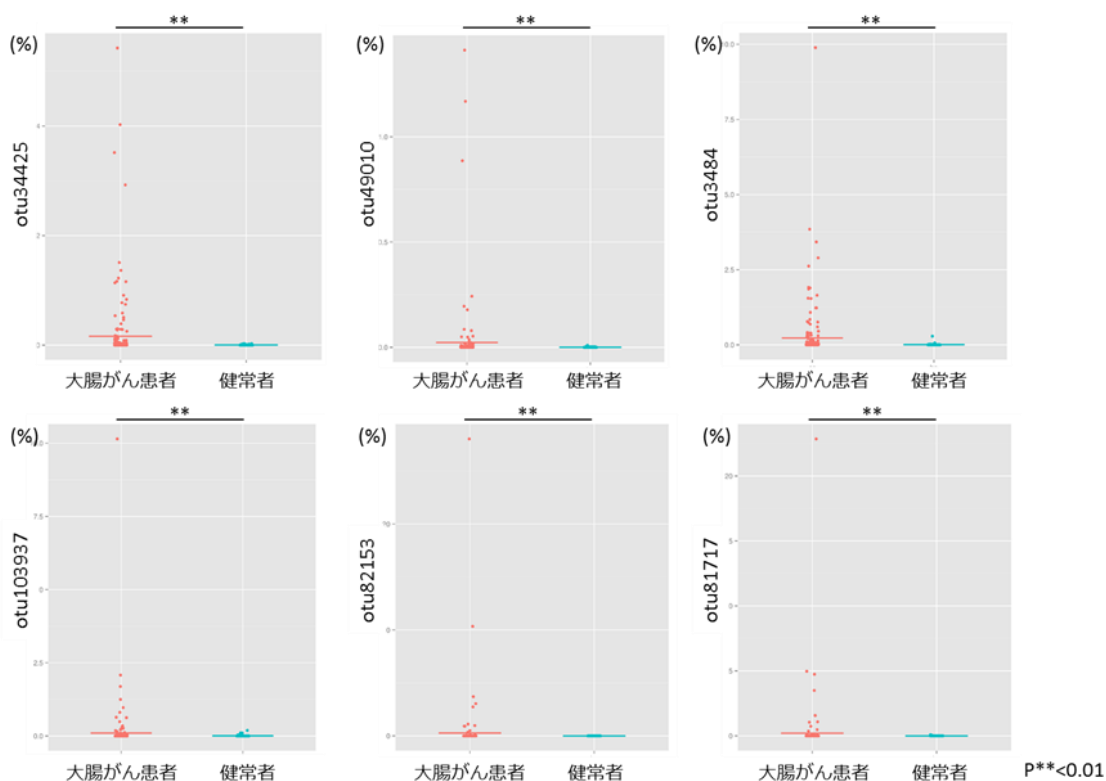


図2 大腸癌に特異的な腸内細菌