- ●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

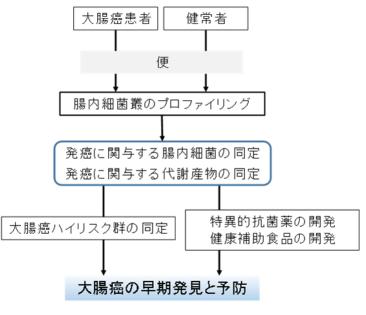


図1 ロードマップ

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クエンサーMiseq でシークエンシングを行った。得られた膨大なシークエ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 的手法を用となる。 というとなる。 大陽癌間で意知を を複数を あるりのでは ある複数種類に 定した(図2)。

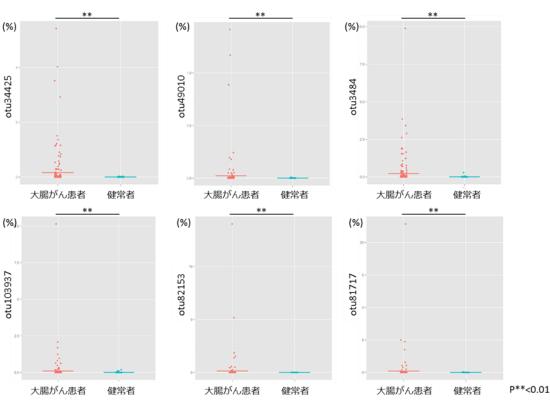


図2 大腸癌に特異的な腸内細菌