



Title	Comparison of databases useful for the analysis of vaginal microbiota in Japanese women using next-generation sequencing data (QIIME 2 software)
Author(s)	Zou, Xianya
Citation	大阪大学, 2026, 博士論文
Version Type	
URL	https://hdl.handle.net/11094/105744
rights	
Note	やむを得ない事由があると学位審査研究科が承認したため、全文に代えてその内容の要約を公開しています。全文のご利用をご希望の場合は、 ＜a href="https://www.library.osaka-u.ac.jp/thesis/#closed">https://www.library.osaka-u.ac.jp/thesis/#closed >大阪大学の博士論文についてをご参照ください。

The University of Osaka Institutional Knowledge Archive : OUKA

<https://ir.library.osaka-u.ac.jp/>

The University of Osaka

論文内容の要旨
Synopsis of Thesis

氏 名 N a m e	Zou Xianya
論文題名 Title	Comparison of databases useful for the analysis of vaginal microbiota in Japanese women using next-generation sequencing data (QIIME 2 software) (次世代シーケンシングデータ (QIIME 2ソフトウェア) を用いた日本人女性の膣内細菌叢解析に有用なデータベースの比較)
論文内容の要旨 〔目 的(Objective)〕 Approximately 10% of children are born prematurely, and bacterial vaginosis during pregnancy is associated with preterm delivery. Highly accurate species level vaginal microflora analysis helps control bacteria-induced preterm birth. Therefore, we aimed to conduct a bioinformatic analysis of gene sequences using 16S databases and compare their efficacy in comprehensively identifying potentially pathogenic vaginal microbiota in Japanese women. 〔方法ならびに成績(Methods/Results)〕 The 16 s rRNA databases, Silva, Greengenes, and the basic local alignment search tool (BLAS T) w ere compared to determine whether the classification quality could be impro v ed using the V3-V4 region next-generation sequencing (NGS) sequences. It was found that NGS data were aligned using the BLAST database with the QIIME 2 platform, whose classification quality was higher than that of Silva, and the combined Silva and Greengenes databases based on the mutual complementarity of the two databases. 〔総 括(Conclusion)〕 The reference database selected during the bioinformatic processing influenced the recognized sequence percentage, taxonomic rankings, and accuracy. This study showed that the BLAST database was the best choice for NGS data analysis of Japanese women’s vaginal microbiota.	

論文審査の結果の要旨及び担当者

(申請者氏名) Zou Xianya				
論文審査担当者	(職)	氏	名	
	主 査	大阪大学招へい教授	柳 原 格	署 名
	副 査	大阪大学教授	小玉 美穂子	署 名
	副 査	大阪大学教授	林 克彦	署 名
論文審査の結果の要旨				
ヒトの膣内は乳酸菌による天然のバリアで守られている。膣内乳酸菌が減少し他の細菌が増殖した状態は細菌性膣症と呼ばれ、流早産の原因となる。次世代シーケンサー(NGS)による細菌16SリボソームRNA遺伝子(16S rRNA)の解析は、細菌叢解析の主流であるが菌種同定は必ずしも容易では無い。今回、21例の非妊娠時の膣内細菌叢解析を16S rRNA V3-V4領域について、SILVA, Greengenes, SILVA+Greengenes、BLASTに登録されているデータを参照して行った。全リード(1,043万)のそれぞれ18、35、53、80%の菌種同定が可能であった。日本人女性の膣内細菌解析においては、BLASTデータベースが最も適した選択肢であった。以上の研究成果は、学位の授与に値するものと認められる。				