

共起ネットワーク解析に基づく腸内細菌のメタゲノム解析
Analysis of human gut microbiome using co-occurrence network

京都大学化学研究所バイオインフォマティクスセンター 化学生命科学領域 加藤 恭崇

研究成果概要

本研究では、京都大学化学研究所スーパーコンピュータシステムを利用し、腸内メタゲノムの情報に基づいて、腸内細菌の共起ネットワークにおける各種統計値を計算した。

近年、次世代シーケンサーの発達で微生物叢のゲノム解析が可能となり、腸管内の細菌叢の生理的機能に対する理解が飛躍的に進んでいる。そして、腸内細菌叢が疾患の発症をはじめとする生体现象と深く関与することが明らかになりつつある。共起ネットワークはノード間の共起性・共存性を表すために、ソーシャルネットワークを初め様々な分野で利用されている解析手法である。本研究では、細菌の共存関係と疾患との関係性に関する考察を得ることを目的として、細菌の共起ネットワークを構築し、ネットワークの幾何学的な特徴を表す各種統計値の計算を試みた。

今後は、今回の手法を用いて、様々な疾患について腸内細菌叢と疾患の関係性についての考察を得るべく研究を進めていく方針である。

発表論文（謝辞あり）

発表論文（謝辞なし）

本年度は共になし。