

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、健常者と患者の腸内細菌叢を分かち特徴を明らかにすることを目的とし、健常者と患者の腸内細菌叢を比較した複数のデータセットを用いることで、細菌種の同定を行い、同定した細菌種の共存関係を数学的モデルにより解析した。数学モデルには共起ネットワークを用いた。共起ネットワークの特徴量を調べる際にはグラフ理論に基づく複数のネットワーク指標を用いた。私は、本研究を進めるに当たり、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、必要な計算処理を行った。

本研究の結果、疾患のネットワーク変動は疾患毎に多様である事を確認した。このことは疾患毎に腸内細菌叢のディスバイオシスは異なり、腸内細菌叢をターゲットとする治療は疾患毎に多様になり得ることを示唆している。しかし、ネットワーク指標の1つである、平均クラスター係数は疾患間で共通の変動を示した。このことより、私は健常者と患者を分かちネットワークの特徴として、「健常者には存在し、患者では失われる3つの細菌の共存関係」を見出した。そして、これを健康トライアングルと定義した。健康トライアングルに関与する細菌の多くは短鎖脂肪酸を産生する特徴を有していた。このことより、実験系での解析は必要であるが、確認した健康トライアングルは健康維持に重要な役割を担っている可能性が考えられる。

今後は他のネットワーク指標を用いることで、さらに多様にネットワークを特徴づけていきたいと考えている。

発表論文（謝辞あり）

発表論文（謝辞なし）

本年度は共になし。