

近年、次世代シーケンサーを用いて細菌のゲノム情報を網羅的にシーケンスするメタゲノム解析によってヒト腸内細菌叢の多様性や機能情報が得られるようになった。そのうち 16S-rRNA 解析では各菌種の組成割合に関する情報を得ることができ、形質と細菌叢との関連解析が可能となった。組成データの特異性から現在様々な関連解析手法が提案されている一方で、標準的な解析手法が提唱されているわけではない。本抄読会では、機械学習を用いたヒト腸内細菌組成データと形質との関連解析手法に関する研究内容について述べる。

参考文献

- ・ M Kim et al.: **Analytical tools and databases for metagenomics in the next-generation sequencing era.** *Genomics&Informatics* 2013, **11**; 102-113.
- ・ Matthew CBT, Tsilimigras AAF: **Compositional data analysis of the microbiome: fundamentals, tools, and challenges.** *Annals of epidemiology* 2016,**26**:330-335.