

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データが得られ、それを利用して疾患有無をはじめとする形質の有無と細菌叢との関連解析が可能となった。組成データの特殊性から近年、機械学習手法や生物統計学的手法など様々な関連解析の方法論が提案されている。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

- ・ Kim M *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.