

# 口内及び腸内細菌メタゲノムの確率モデリング

細田 至温<sup>\*1</sup> and 浜田道昭<sup>†1,2</sup>

<sup>1</sup> 早稲田大学

<sup>2</sup> 産総研 CBBB-OIL

## 概要

次世代シーケンサーの登場により可能になったメタゲノム解析はヒトとヒト常在菌の関係を明らかにしつつある。ヒト常在菌メタゲノムのプロジェクトである Human microbiome project によってヒトの様々な部位の細菌叢と部位同士の関連性が調査された。このプロジェクトで得られた様々な知見の内の一つとして、口内細菌叢と腸内細菌叢の相関関係が挙げられる。細菌の経路を考慮してもこの関係は合理的であるが、二つの細菌叢は完全には一致しない。従って、ヒト口腔から腸への経路における各微生物の生存度は異なることが予想される。生存度の推定はヒトの口腔から腸までの微生物の動態を解明するのに役立つ。しかし、ヒト口内微生物叢と腸内微生物叢の間の微生物存在量の変化を相対的な存在量から捉えることは困難な問題である。本研究では、各微生物の生存度を定義しヒト口腔および腸の分類学的プロファイルを生成する階層的ベイズモデルを構築した。このモデルは、ヒト口腔および腸の微生物叢の相対的存在量および細菌ごとの生存度をパラメータとして有する。結果として、*Bacteroides*, *Faecalibacterium*, *Parabacteroides* は高い生存度を持つことが分かった。これらはヒト腸に豊富な属である。さらに、*Dialister* はヒトの腸に豊富に存在するにもかかわらず、低い生存度を有する。これらの結果は分類学的プロファイルと一致した。

---

\*shion\_hosoda@asagi.waseda.jp

†mhamada@waseda.jp