

2023 年度年次報告書

データ駆動・AI 駆動を中心としたデジタルトランスフォーメーションによる生命科学研究の革新

2022 年度採択研究代表者

須田 亙

理化学研究所 生命医科学研究センター

チームリーダー

試料採取自動化と高解像度時系列解析による腸内微生物-宿主のクロストーク解明

主たる共同研究者:

高安 美佐子 (東京工業大学 情報理工学院 教授)

高安 伶奈 (東京大学 大学院医学系研究科 客員研究員)

研究成果の概要

本研究は、宿主へ強い影響をもつ常在マイクロバイオームの詳細時系列変動データの取得を可能とし、その普遍性の発見を目指すものである。当該年度は下記の項目について研究を推進した。

マウス糞便自動採取装置の開発

当該年度は前年度設計したマウスの糞便検体の自動採取装置の実機作成を行い、試験運用を開始した。その結果、この装置の実装によってこれまで作業コストが大きく実施が不可能だったような、例えば1時間毎などの頻回での実験マウスの糞便の収集が自動で可能であることが確認できた。開発した装置については特許出願を行った(特願 2024-080206)。

腸内細菌叢の時系列動態の解明

昨年度に引き続き、マウスの一生涯における腸内微生物叢の詳細な時系列変動データの解析を行った結果、腸内滞在期間の分布が二峰性を示すことを発見した。すなわち、マウスの腸内細菌は短期間のみ定着する細菌群と長期間定着する細菌群に二分される傾向が示された。興味深いことに短期定着菌群の大半は *Bacillota* 門に属し、長期定着菌群の大半は *Bacteroidota* 門に属することが示された。このことは詳細時系列解析によって初めて明らかにされた腸内細菌叢の基本的性質である可能性がある。

腸内細菌叢の時系列変動データへの数理的解析の試み

上述の研究によって、腸内細菌叢の時系列データは非定常で、全体的に豊富な菌種でも一部の期間で0の値を持つことが明らかになった。そこで、各菌種存在/不在、上昇/安定/下降の情報をを用いて共存、排除、同期、反同期の関係を抽出し種ペア間の有意な相関を抽出するための新規な解析方法を開発し、論文を投稿した。本手法は複雑性をもつ様々な微生物叢時間系列データの解析に適用可能と考えられる。