

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

2022 年度
年次報告書

須田 互

理化学研究所 生命医科学研究センター
副チームリーダー

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 科学技術創成研究院 教授)

高安 伶奈 (東京大学 大学院医学系研究科 助教)

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開発および検証を行った。

マウス糞便自動採取装置の開発

時系列変動データの取得コストは本研究を行う上で大きな課題の一つである。当該年度はマウスの糞便検体を自動採取し保存する装置の基本設計を完了した。具体的には、糞便と尿検体を分取可能な代謝ケージを応用し、糞便の自動採取機構を組み込むことで、数時間単位でマウスの糞便を採取可能な装置を設計した。装置上でのサンプル保存がマイクロバイオーム構造に与える影響についても評価し、常温でマイクロバイオーム構造を変化させずに長期保管可能な溶液として RNA later を選定した。

詳細時系列変動データを用いたマイクロバイオーム動態および宿主との関連解析の試み

時系列マイクロバイオームデータを用いた解析の試みとして、マウスの一生における腸内菌叢の詳細時系列変動(総計 1,815 データ)を解析し、長期定着する細菌群が、寿命と強く関連することを発見した。これらの結果は、腸内細菌の長期にわたる常時モニタリングが、宿主の大きな生理的変化の予測につながる可能性を示唆する。

時系列変動マイクロバイオーム変動データへの数理的解析の試み

将来的な数理モデル構築の予備段階として、まず時系列マイクロバイオームデータのノイズ除去の試みを行った。具体的には、AR モデルを上記の詳細時系列データに応用し、実測値と予測値の差分から抽出したノイズが自己相関を示さないことを確認した。デノイジング後の変動データを用いた場合、ノイズ除去前のデータを用いた場合には検出されなかった、菌同士の強い相関関係が検出されるようになった。この結果は、従来発見できなかった菌同士の相関関係が本手法の導入によって明らかになる可能性を示唆している。