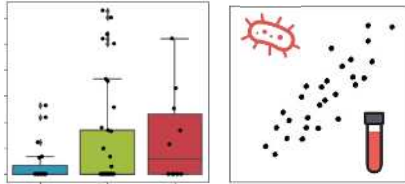
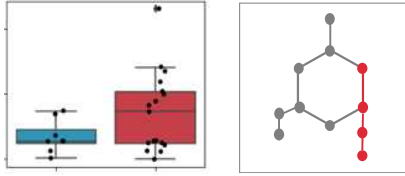
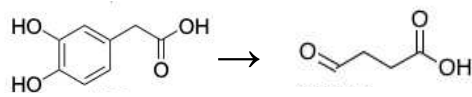
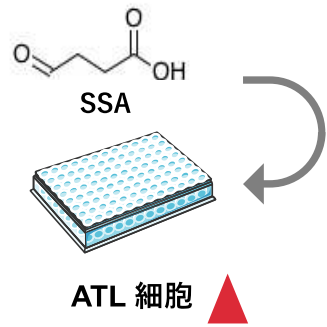
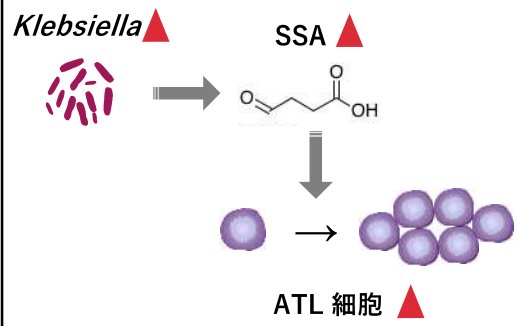


(a) サンプル、使用データ	(b) 解析	(c) ATLの進行に関与する候補	(d) 検証実験																																
腸内細菌データ <table border="1"> <thead> <tr> <th></th> <th>16S rRNA</th> <th>メタ ゲノム</th> <th>腫瘍 マーカー</th> </tr> </thead> <tbody> <tr> <td>コホート 1</td> <td></td> <td></td> <td></td> </tr> <tr> <td>ATL患者 (N=11)</td> <td>✓</td> <td></td> <td>✓</td> </tr> <tr> <td>感染者 (N=37)</td> <td>✓</td> <td></td> <td>✓</td> </tr> <tr> <td>健常者 (N=20)</td> <td>✓</td> <td></td> <td></td> </tr> <tr> <td>コホート 2</td> <td></td> <td></td> <td></td> </tr> <tr> <td>ATL患者 (N=17)</td> <td></td> <td>✓</td> <td>✓</td> </tr> <tr> <td>健常者 (N=8)</td> <td></td> <td>✓</td> <td></td> </tr> </tbody> </table>		16S rRNA	メタ ゲノム	腫瘍 マーカー	コホート 1				ATL患者 (N=11)	✓		✓	感染者 (N=37)	✓		✓	健常者 (N=20)	✓			コホート 2				ATL患者 (N=17)		✓	✓	健常者 (N=8)		✓		- 細菌の存在量の差解析 - 腫瘍マーカーとの相関解析  - 細菌の機能遺伝子の存在量の差解析 - 代謝経路エンリッチメント解析 	腸内細菌 <i>Klebsiella</i> ▲ ▲  SSA 合成経路 ▲  ホモプロトカテク酸 (HPC) コハク酸セミアルデヒド (SSA) ▲ ATL患者で増加 ▲ ATL発症リスクが高い感染者で増加	 導かれた仮説 
	16S rRNA	メタ ゲノム	腫瘍 マーカー																																
コホート 1																																			
ATL患者 (N=11)	✓		✓																																
感染者 (N=37)	✓		✓																																
健常者 (N=20)	✓																																		
コホート 2																																			
ATL患者 (N=17)		✓	✓																																
健常者 (N=8)		✓																																	