

テーマ：微生物の網羅的解析によるFMT治療法の開発

■ 背景

腸内には1,000種類以上の細菌が存在しており、細菌の種類や割合はその人の食事や環境の影響を受けるため個人差が大きい。腸内細菌には善玉菌、悪玉菌、日和見菌に大別され、そのバランス変動が疾患に結び付く可能性がある。

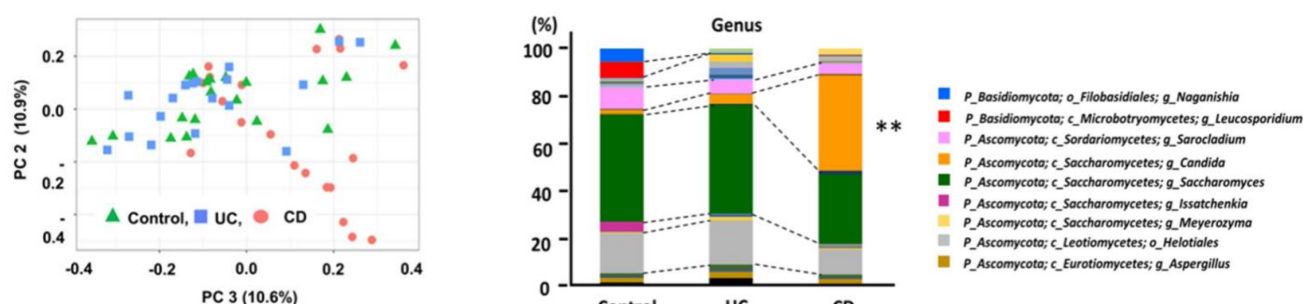
腸内細菌叢と様々な疾患との関連性が報告されており、FMT (Fecal Microbiota Transplantation) は様々な疾患への有効性が示唆されている(例えば消化器疾患(IBD, IBS), 糖尿病, 高血圧など)。本学附属病院においても炎症性腸疾患やクロストリジオイデス・ディフィシル感染症(CDI)を中心にFMTの取り組みを行ってきた。しかしながら、CDI以外は、その有効性は確立していない。



■ 消化器内科での成果

FMTが奏功しない理由として、我々は細菌だけではなく腸内の真菌やウイルスのバランスもおおよび、それらの相互作用も重要ではないかとの仮説を立て研究を行っている。

潰瘍性大腸炎(UC) 18 例、クローン病(CD) 20 例、非炎症性腸疾患(Control) 20 例の便からDNAを抽出し、細菌叢は16S rRNA シーケンス、真菌叢はITS シーケンスにより解析した。細菌叢に関しては、Control 群と比べて UC 群よりも CD 群において腸内細菌叢の違いを認めた。一方、真菌叢に関しては、 α 多様性では優位な差は認めなかったが、 β 多様性の検討ではこれらの 3 群で腸内真菌の構成は有意に異なっていた。門レベルでは各群間に差異はなかったが、属レベルでの解析では、Control群やUC群と比較してCD群において優位にCandida属を多く認めた。



■ 共同研究

FMTを発展させるためには、細菌のみならず真菌やウイルスを含めた微生物のバランス是正が重要と考えている。それらのオミックス情報の網羅的解析研究は疾患BM探索や薬剤の有効性予測に繋がる成果が期待できる。我々と協働してこの課題解決に取り組んで下さる企業・団体を求めています。

■ 消化器内科のホームページ

<https://ninai-sums.jp/>