

## 29P2-pm140

尋常性乾癬患者皮膚細菌叢の次世代高速 DNA シーケンサーを用いた網羅的解析  
○諸星 優佳<sup>1</sup>, 田中 貴文<sup>1</sup>, 杉田 隆<sup>1</sup>(<sup>1</sup>明治薬大)

【目的】尋常性乾癬は表皮細胞増殖と角化異常を特徴とする自己免疫疾患である。ヒトには数千種もの多様な微生物が常在している。通常は無害であるが、この常在微生物叢のバランスが破綻すると様々な疾患に進展することがある。本研究では、尋常性乾癬の悪化因子としての皮膚常在細菌に着目し、次世代高速 DNA シーケンサーを用いて細菌叢を網羅的に解析した。

【材料および方法】22 例の乾癬患者体幹部の皮疹部および無疹部からテープストリップングにより鱗屑を採取し、細菌 DNA を抽出した。16S rRNA 遺伝子を次世代高速 DNA シーケンサー(FLX 454)を用いた pyrosequencing 法により解析した。

【結果および考察】85,000 リードの解析から 110 属の細菌を検出した。細菌叢は主に Proteobacteria と Actinobacteria で構成されていた。Shannon-Wiener Diversity Index による多様性評価では皮疹部の方が多様性を示し、さらに主座標分析では、皮疹部と無疹部の細菌叢は異なるクラスターを形成していた。しかしながら、乾癬の重症度の指標である PASI スコアと菌叢間には相関は認められなかった。以上、尋常性乾癬患者皮膚には、疾患特異的細菌が存在することが明らかになった。現在、当該菌種を用いて、表皮ケラチノサイト応答について検討している。

【会員外共同研究者】東京医大・皮膚科、坪井良治、天谷美里