

29P2-pm139

アトピー性皮膚炎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

○田中 貴文¹, 杉田 隆¹(¹明治薬大)

【目的】アトピー性皮膚炎(AD)は増悪と寛解を繰り返し、強い搔痒を伴う慢性炎症性皮膚疾患である。AD 患者皮膚はフィラグリンなどの皮膚バリアー機能が低下しているため、皮膚常在微生物が AD の増悪因子となることがある。従って、皮膚微生物叢を制御することで AD の治療に寄与することができると考えられる。本研究では、次世代高速シーケンサーを用いて AD 患者皮膚細菌叢を網羅的に解析した。【材料および方法】AD 患者皮膚の皮疹部および無疹部から鱗屑をテープストリッピングし、そこから細菌 DNA を直接抽出した。細菌 16S rRNA 遺伝子を FLX 454 次世代高速シーケンサーを用いて解析し、その結果を主座標分析した。【結果および考察】>73,000 リードの解析から>130 属の細菌を検出した。主要構成菌叢は Proteobacteria であったが、皮疹部においては Firmicutes の検出割合が上昇した。階層的クラスタリングでは、*Staphylococcus* の検出率によって患者群は2つのクラスターにわけることができた。個人間による多様性評価では無疹部よりも皮疹部の方が多様性を示し、また主座標分析を行った結果、細菌叢は重症度を反映したクラスターを形成した。【会員外共同研究者】東京医大皮膚科・坪井良治、田嶋磨美