

パーキンソン病の発症と病態進行に関わる腸内細菌叢の解明

名古屋大学大学院 医学系研究科 神経遺伝情報

助教 伊藤 美佳子

(共同研究者)

名古屋大学大学院医学系研究科 神経遺伝情報	教授	大野 欽司
名古屋大学大学院医学系研究科 病態解析学講座	准教授	平山 正昭
名古屋大学大学院医学系研究科 病態解析学講座	大学院生	鈴木 杏

はじめに

パーキンソン病 (PD) は、加齢とともに増加する神経変性疾患であり、その発症は中枢神経からではなく、消化管上皮細胞に異常蓄積した α -synuclein (Lewy小体) が次第に中枢神経系に拡大することが明らかにされつつある。PDでは腸管の透過性が亢進しており、腸管壁では過剰な酸化ストレスによって腸粘膜に α -synucleinが蓄積すると考えられる。本研究では、腸管内細菌叢の変化がPDの発症と進行に関与する可能性を探るため、腸管内細菌叢のメタゲノム解析を行った。また、水素産生菌のPDの病態への影響についても検討した。

結 果

PD患者とその配偶者 (Control) の30ペア (計60人) の糞便を採取し、DNA抽出をした後、メタゲノム解析を行っている。現在、シーケンス結果の出ている6ペア (12人) のデータを解析し、菌組成を比較したところ、Clostridium属菌、Bacteroides属菌、Ruminococcus属菌、Prevotella属菌がPD群で少なかった (いずれも有意差なし)。

考 察

この結果は、過去に我々が報告した、qRT-PCRでの解析結果¹⁾と似ており、水素産生能のあるClostridium属菌、Bacteroides属菌が少なかったことから、PD患者の腸内では水素ガスが減少している可能性が考えられる。しかし、現段階ではPD群とControl群で有意な差は出ておらず、検体数を増やして検討していく必要がある。今後、他のサンプルの解析も行い、菌組成を比較していく。また、菌組成の解析に加えて、細菌の遺伝子機能についても調べていく予定である。

要 約

腸管内細菌叢の変化がPDの発症と進行に関与する可能性を探るため、PD患者とその配偶者の糞便を用いてメタゲノム解析を行った。その結果、PD患者の腸内で水素産生菌の減少傾向がみられた。今後はさらに菌組成の解析を進めると同時に、細菌の遺伝子機能についても調査する。

文 献

1. Hasegawa S, Goto S, Tsuji H, Okuno T, Asahara T, Nomoto K, Shibata A, Fujisawa Y, Minato T, Okamoto A, Ohno K, Hirayama M, Intestinal Dysbiosis and Lowered Serum Lipopolysaccharide-Binding Protein in Parkinson's Disease., PLoS One, 2015