

ヒト腸内細菌叢データベースの解析に基づく腸内細菌叢多様性が前立腺癌に与える影響の解明

松下 慎¹⁾、藤田和利²⁾、藤本西蔵²⁾、坂野恵理²⁾、波多野浩士¹⁾、
中村昇太³⁾、野々村祝夫¹⁾

- 1) 大阪大学大学院医学系研究科器官制御外科学（泌尿器科）
- 2) 近畿大学医学部泌尿器科学教室
- 3) 大阪大学微生物病研究所 感染症メタゲノム研究分野

【目的】前立腺生検を受ける患者や、前立腺癌治療中の患者から得られた腸内細菌叢データベースの解析結果に基づき、前立腺癌に影響を及ぼしうる腸内細菌叢の多様性や菌を同定し、そのメカニズムを明らかにする。

【方法】前立腺生検を受ける患者および、ホルモン感受性前立腺癌（HSPC）や去勢抵抗性前立腺癌（CRPC）にて加療中の患者を対象として、直腸診の際に便を採取した。検体中の細菌 DNA を 16SrRNA 遺伝子シーケンスにかけて、属レベルまでの細菌叢解析を行った。さらに、テストステロンとの関連が認められた菌種をマウスに投与し血中テストステロン濃度を測定した。

【結果】CRPC 患者で腸内細菌叢多様性の変化は見られなかったが、有意に増加する細菌 X を同定した。X は前立腺癌の増悪に作用しうる複数のメカニズムを有する細菌であった。テストステロン増加に寄与すると考えられた細菌 Y の複数の菌株を若年マウスに長期投与したが、血中テストステロン値の変化は認められなかった。

【結論】前立腺癌の病態に関与しうる、腸内細菌叢を介したメカニズムの存在が示唆された。細菌 X や Y が前立腺癌に与える影響について、今後さらに基礎的研究を進める予定である。