

審査の結果の要旨

氏名 絹巻 暁子

本研究は川崎病における腸内フローラの関与について明らかにするため、メタゲノム解析と 16S-rDNA を指標とした解析を用いて、川崎病患児の腸内フローラの経時的な追跡を試みたもので、以下の結果を得ている。

1. メタゲノム解析において、川崎病遠隔期や健常対照群の腸内は *Bifidobacterium* 属を主体とする比較的類似した環境にあったが、川崎病急性期の腸内では *Bifidobacterium* 属が有意に減少していた。
2. 川崎病急性期の腸内において *Bifidobacterium* 属が減少する代わりに優勢となる生物属は患児により異なっており (*Akkermansia*、*Parabacteroides*、*Mastadenovirus*、*Enterococcus*、*Bacteroides*、*Streptococcus*、*Escherichia*)、全ての川崎病患児において急性期に共通して有意に検出される生物属はなかった。また、一部の川崎病患児の便からはウイルス配列 (ヒトアデノウイルス・WU ポリオーマウイルス) が検出された。
3. 16S-rDNA を指標とした解析において、川崎病急性期の腸内には *Streptococcus* 属・*Granulicatella* 属・*Gemella* 属といった一般的には口腔咽頭に常在する菌群に分類される配列が有意に検出されることが判明した。

以上、本論文は川崎病患児の腸内フローラについてゲノムをターゲットとした解析を行い、川崎病急性期において腸内フローラが *dysbiosis* の状態にあることを示した。抗菌薬投与の影響についての検討や他疾患との比較、またプロバイオティクス導入が予後を改善させるかについての臨床研究など、今後の解析に展開し得る知見であり、学位の授与に値するものと考えられる。