

(a) サンプル、使用データ

(b) 解析

(c) ATLの進行に関与する候補

(d) 検証実験

腸内細菌データ

	16S rRNA	メタゲノム	腫瘍マーカー
コホート 1			
ATL患者 (N=11)	✓		✓
感染者 (N=37)	✓		✓
健常者 (N=20)	✓		
コホート 2			
ATL患者 (N=17)		✓	✓
健常者 (N=8)		✓	

コホート 1

ATL患者 (N=11)

✓

✓

感染者 (N=37)

✓

✓

健常者 (N=20)

✓

コホート 2

ATL患者 (N=17)

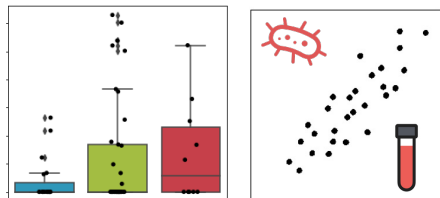
✓

✓

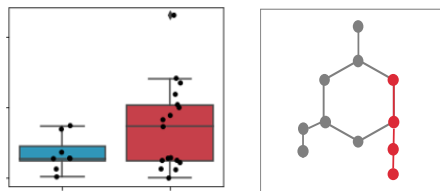
健常者 (N=8)

✓

- ・細菌の存在量の差解析
- ・腫瘍マーカーとの相関解析



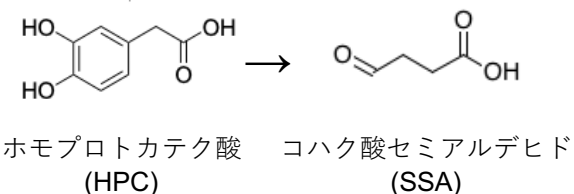
- ・細菌の機能遺伝子の存在量の差解析
- ・代謝経路エンリッチメント解析



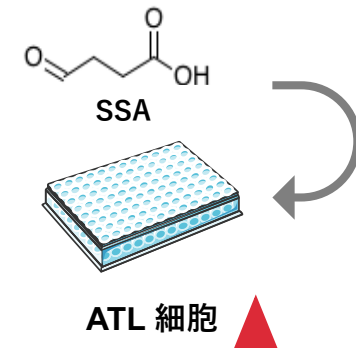
腸内細菌 *Klebsiella* ▲ ▲



SSA 合成経路 ▲



- ▲ ATL患者で増加
- ▲ ATL発症リスクが高い感染者で増加



(e) 導かれた仮説

