

【目的】 人体の外部環境に接するあらゆる部位には様々な微生物が生息している。この微生物叢の変動が健康や疾患に深く関与していることが示唆され、注目を集めている。しかし、これまでの微生物叢の研究は細菌叢に主眼が置かれ、微生物叢を構成するウイルス種と疾患との関連性については明らかにされていない。本研究では、皮膚に生息する主なウイルスであるポリオーマウイルスに焦点をあて、炎症性皮膚疾患との関連性を明らかにすることを目的とし、感染実態の調査を行った。

【方法】 炎症性皮膚疾患患者の病変部（皮疹部）と非病変部（正常部）の皮膚を清潔綿棒で擦過し、皮膚スワブを採取した。DNA を抽出し、定量リアルタイム PCR 法により皮膚指向性ポリオーマウイルスであるメルケル細胞ポリオーマウイルス（MCPyV）・ヒトポリオーマウイルス 6（HPyV6）、ヒトポリオーマウイルス 7（HPyV7）のウイルスゲノムの検出および定量を行うことで皮膚上での感染状況を調べた。ウイルスが検出された例では、ウイルスゲノム配列を同定し、変異解析および系統解析を行った。さらに、同例において皮膚常在細菌である黄色ブドウ球菌の存在量を定量リアルタイム PCR 法によって検出した。これら皮膚疾患症例での感染実態と健常者の健常皮膚での感染状況を比較した。

【結果】 本研究の結果、乾癬患者では HPyV6、HPyV7 の検出率およびウイルス量が健常者の健常皮膚に比べて有意に高く、一方で MCPyV の検出率とウイルス量は共に低いことが示された。また、アトピー性皮膚炎患者でも MCPyV と HPyV6 において同様の変動が有意に認められた。これらのウイルスの変動は病変部位だけではなく、ほとんどの患者の非病変部位でも観察され、患者全身でのウイルス感染状況の変動が示唆された。また、得られたウイルスゲノム配列を調べたところ、ウイルス株は全てアジア/日本の遺伝子型であった。本研究から、疾患により皮膚常在ウイルス量の変動に差があることが明らかとなり、その変化とウイルス遺伝子型により皮膚疾患の発症や病態変化を推定できる可能性が示唆された。

炎症性皮膚疾患患者と健常者における皮膚スワブからのウイルス検出率

