



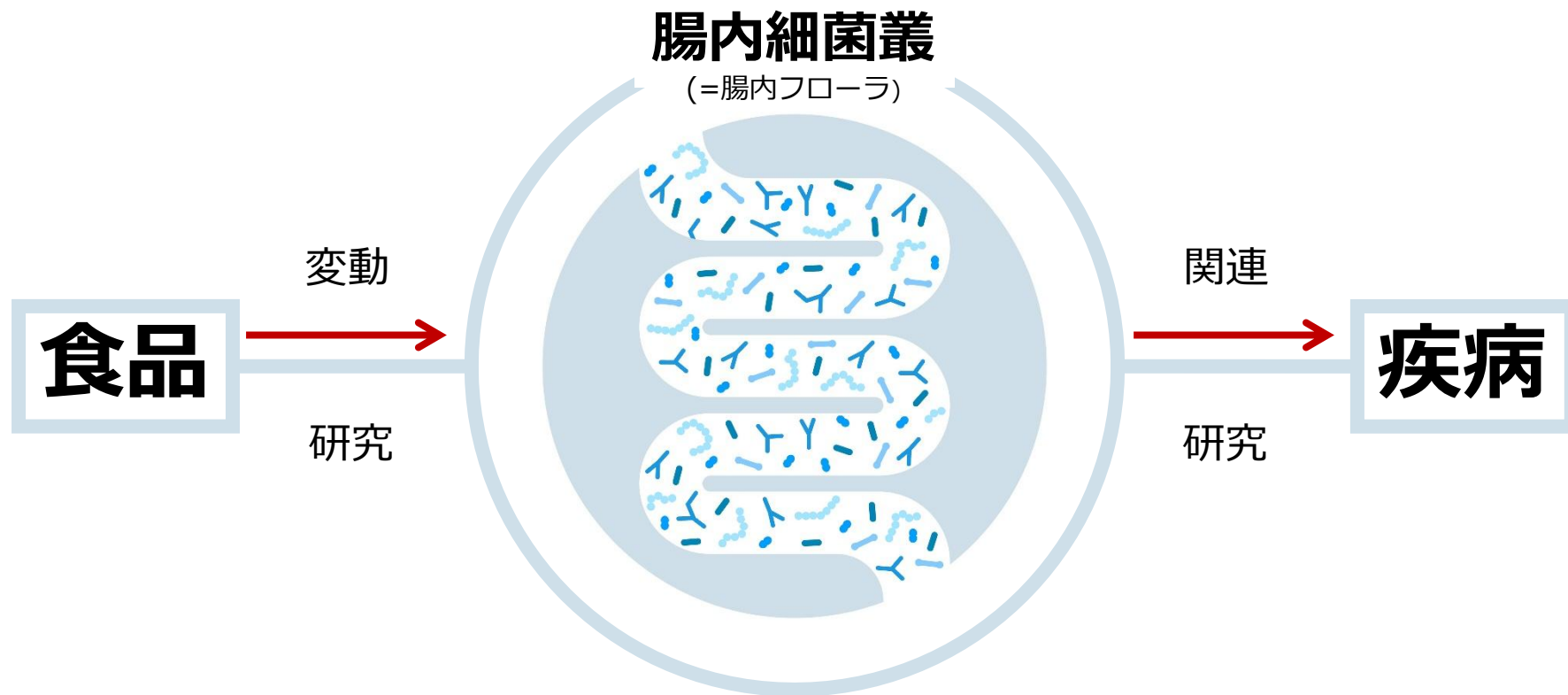
腸内細菌叢。

それは私たちの心身の健康維持に不可欠な見えざる巨大な生態系。
そして、それは21世紀に残された新たなフロンティア。

当社は、日本最大級の腸内細菌叢解析データベースと
独自のデータマイニング技術を駆使して、
腸内細菌叢と疾病の関連を研究し、
特定の食品の摂取による腸内細菌叢の改善を介して疾病を予防・改善する
新たなソリューションの開発に取り組んでいます。



当社は、**腸内細菌叢と疾病の関連**を研究し、
特定の**食品の摂取**による**腸内細菌叢の改善**を介して**疾病の予防・改善**をする
新たなソリューション開発に取り組んでいます。





私たちの腸内には
1,000種以上、10～100兆個程度の
腸内細菌が住み着いています。

※人間細胞の数：40兆個



BULGARICUS



BEIFIBOBACTERIUM



LACTOBACILLUS



LACTOCOCCUS



PROPIONIBACTERIUM



STREPTOCOCCUS THERMOPHILUS

腸内細菌は重さにして

約 **1.5kg** もいると言われています。



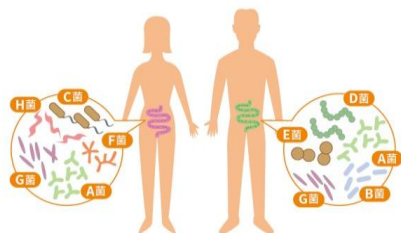
これほどの重さの臓器はありません。
しかし今まで見過ごされてきました。



心臓：約0.3kg 肺：約0.8kg 肝臓：約0.9kg

腸内細菌はそれぞれテリトリーを持って群生しており、その全体を「**腸内細菌叢**」と呼んでいます。

腸内細菌叢の構成（種類と比率）は
人によって大きく異なります。



年齢

性別

人種

など

腸内細菌叢が私たちの
心身の健康維持に不可欠
なものであることが明らかになっています。





腸内細菌叢の乱れによって引き起こされる
疾病は消化器系だけではありません。

多くの原因不明の疾病との強い関連性が明らかになっています。

* 腸内細菌叢と関連が報告されている疾病例

消化器系

大腸がん

潰瘍性大腸炎

過敏性腸症候群

クローン病



循環器系

心筋梗塞

狭心症

脳血管疾患

動脈硬化

代謝系

糖尿病

脂質異常症

肥満

高血圧

アレルギー系

花粉症

アトピー性皮膚炎

喘息

食物アレルギー

その他

認知症

うつ

パーキンソン病

自閉症

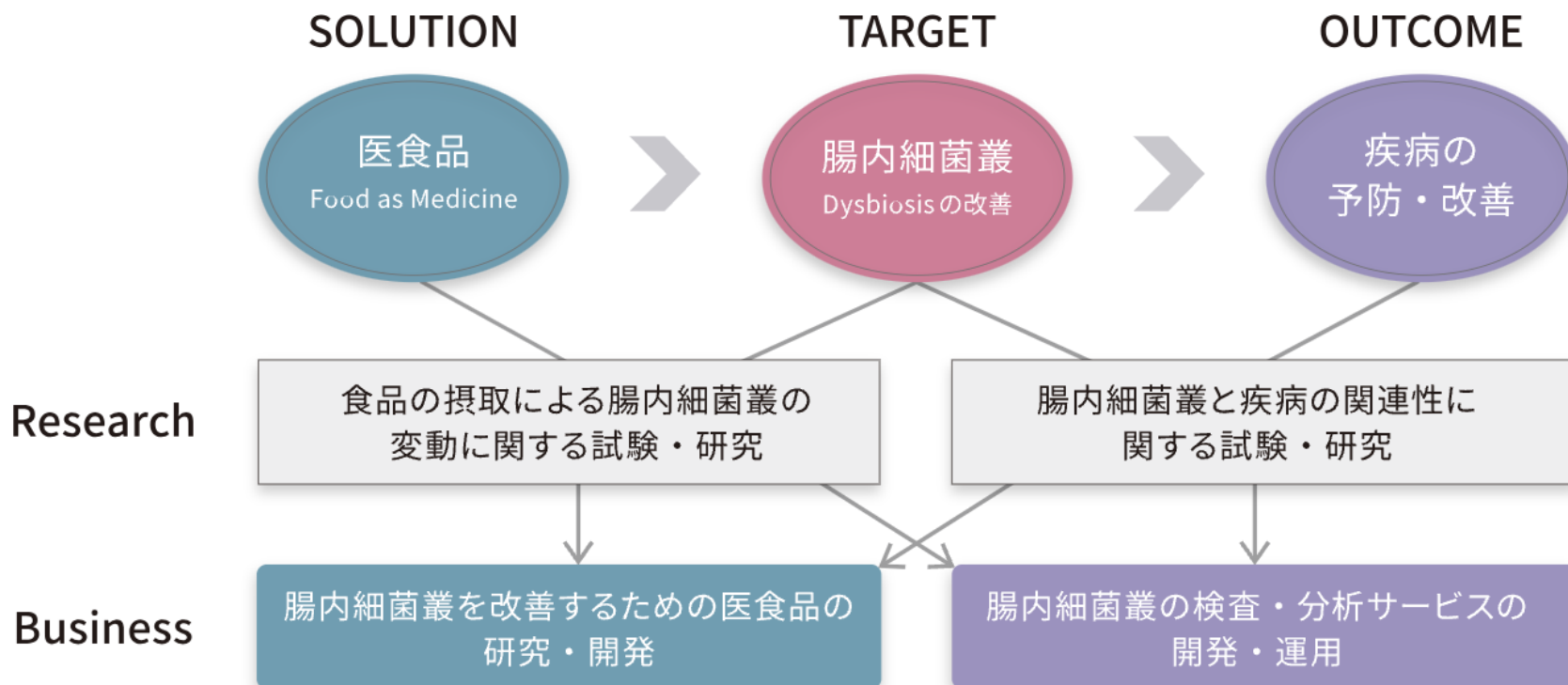
婦人科系

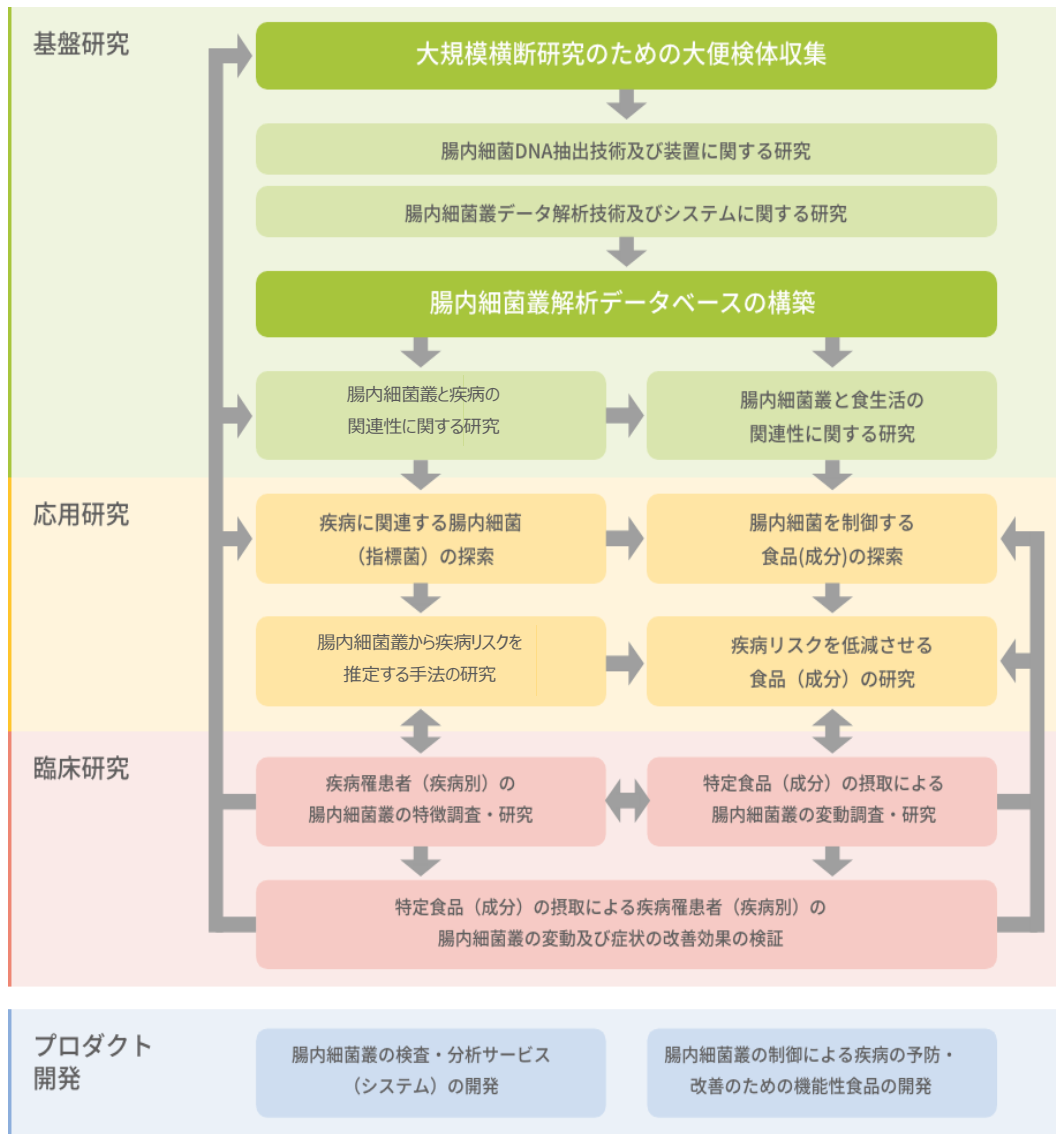
PMS(月経前症候群)

女性不妊症

乳がん

女性更年期障害






 一般社団法人
 日本農業フロンティア開発機構
 Japan Agricultural Frontier Development Organization


理化学研究所

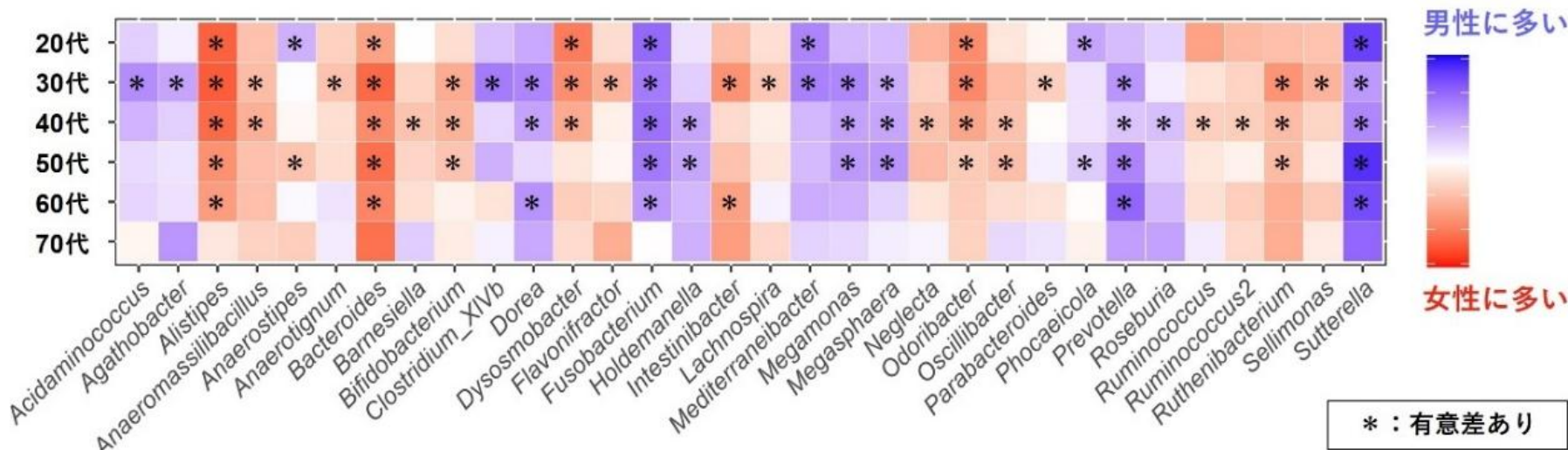
日本農業フロンティア開発機構と理化学研究所による基盤研究の成果を事業化する目的で当社を設立



研究成果：腸内細菌叢には性差が存在

CONFIDENTIAL

腸内細菌叢には性差があることを世界で初めて明らかにしました。



図：日本人の男女間で違いがみられた腸内細菌の菌属

疾病に罹患していない日本人男女の腸内細菌叢を菌属レベルで年代ごとに比較し、男性と女性のそれぞれに多い菌属を色の濃淡で示しました。有意差が認められた区分には*を付しています。



←本研究の成果は、国際学術誌『Biomedicines』に掲載されました。

(2023年1月27日付)

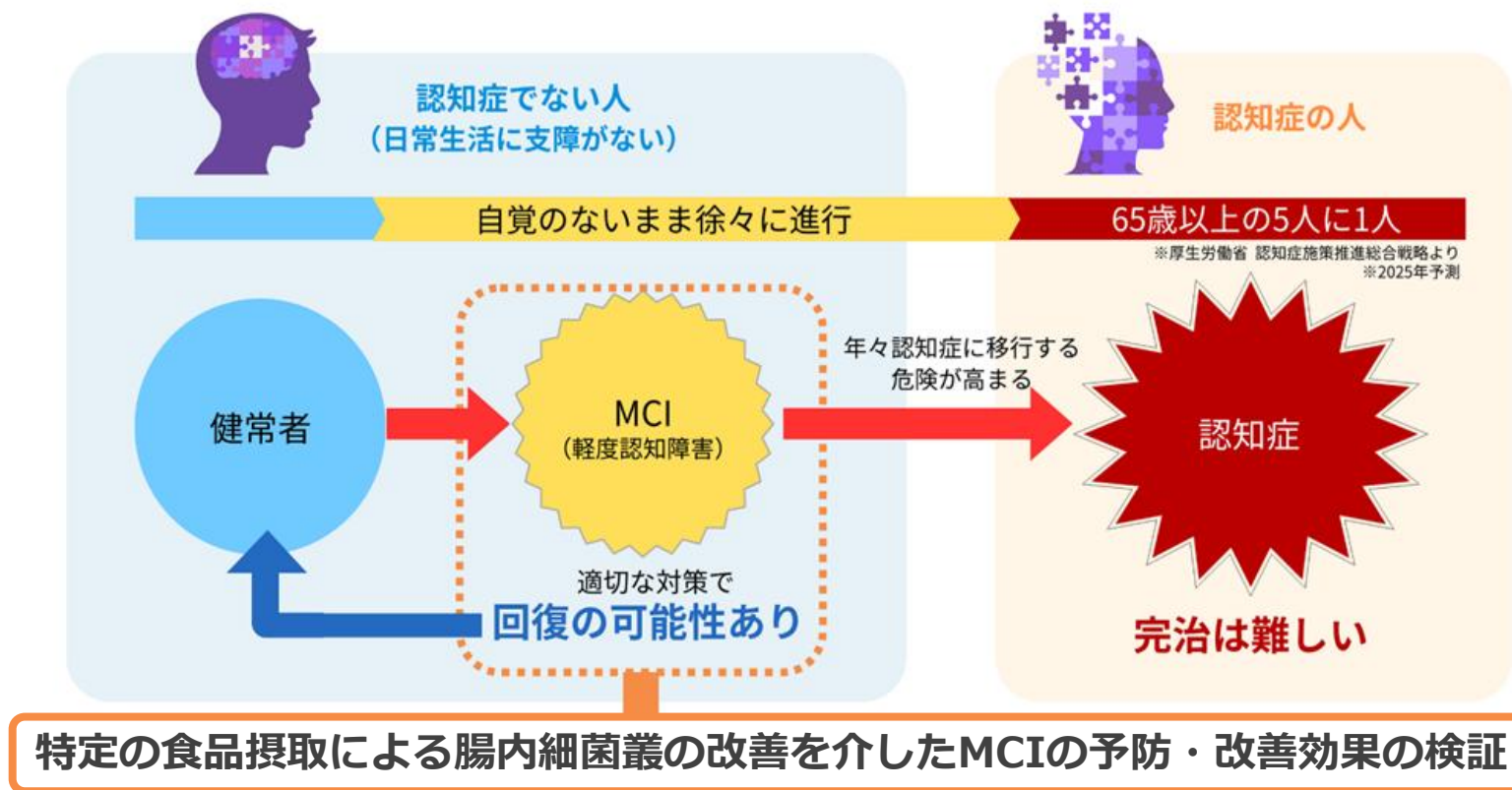
<https://www.mdpi.com/2227-9059/11/2/376>



軽度認知障害（MCI）を予防・改善するソリューション

CONFIDENTIAL

軽度認知障害（MCI）の発症に腸内細菌叢の構成異常（dysbiosis）が関連しているのであれば、**特定の食品の摂取**による**腸内細菌叢の改善**を介して、**MCIを予防・改善**することができる。





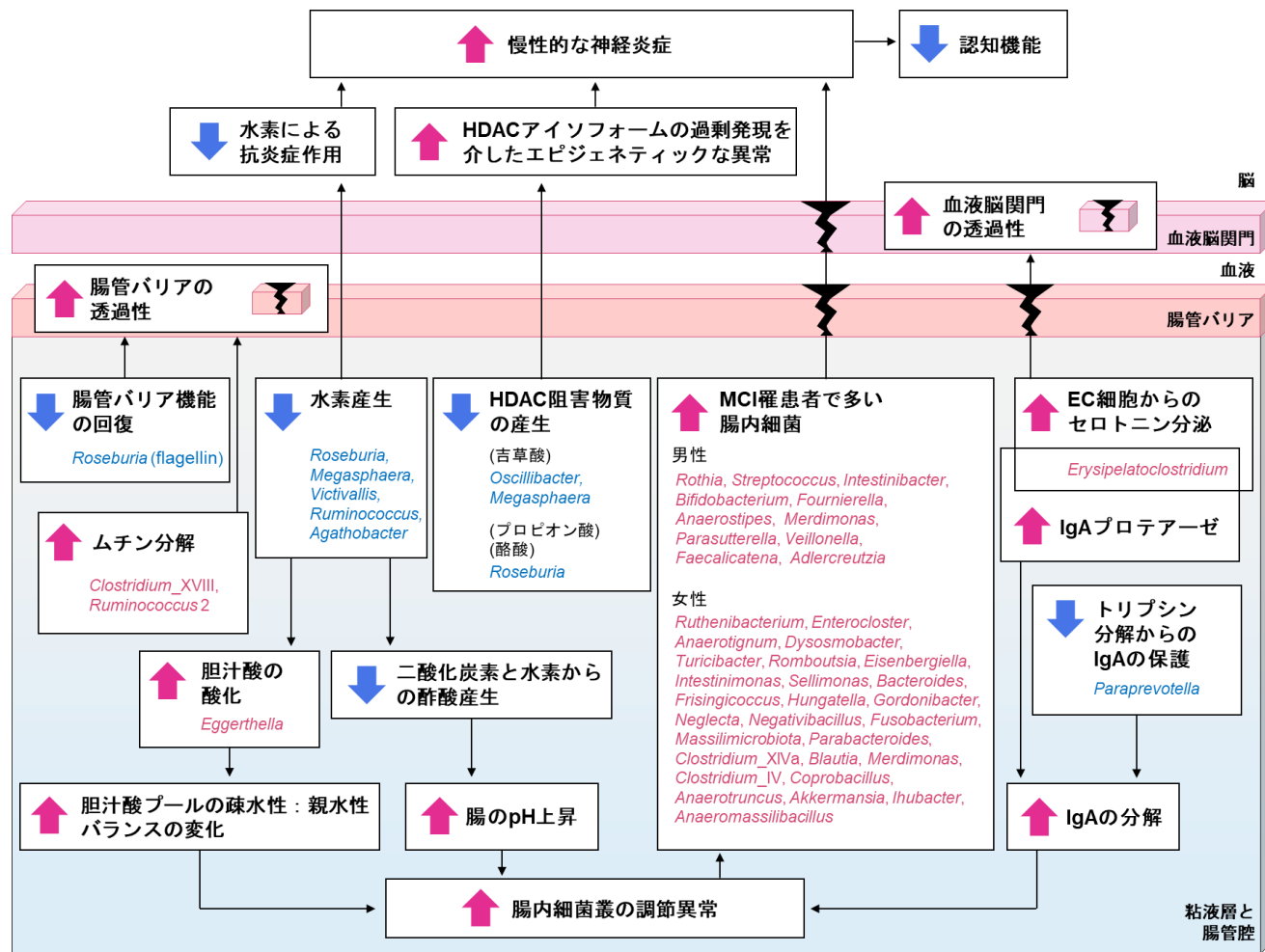
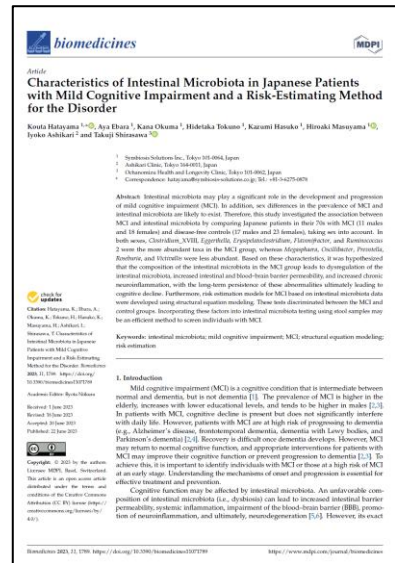
MCI患者の腸内細菌叢には**健常者と異なる特徴**があり**男女で一部異なる**。

分類群（属レベル）	男女混合	男性	女性	分類群（属レベル）	男女混合	男性	女性	効果量
<i>Clostridium_XVIII</i>	0.538 *	0.685 *	0.452 *	<i>Parasutterella</i>	0.112	0.225	0.029	
<i>Erysipelatoclostridium</i>	0.537 *	0.307	0.660 *	<i>Clostridium_IV</i>	0.111	-0.018	0.226	0.8
<i>Ruminococcus_2</i>	0.474 *	0.240	0.602 *	<i>Massilimicrobiota</i>	0.101	-0.099	0.271	0.6
<i>Flavonifractor</i>	0.467 *	0.232	0.640 *	<i>Adlercreutzia</i>	0.088	0.204	0.009	0.4
<i>Enterocloster</i>	0.454 *	0.109	0.660 *	<i>Ihubacter</i>	0.062	-0.160	0.205	0.2
<i>Ruthenibacterium</i>	0.395 *	0.044	0.661 *	<i>Akkermansia</i>	0.059	-0.256	0.205	
<i>Eggerthella</i>	0.383 *	0.253	0.458 *	<i>Coprobutacillus</i>	0.045	-0.270	0.217	
<i>Anaerotignum</i>	0.381 *	0.132	0.623 *	<i>Anaerotruncus</i>	0.038	-0.239	0.212	-0.2
<i>Dysosmobacter</i>	0.364 *	0.085	0.580 *	<i>Lawsonibacter</i>	0.032	-0.247	0.197	-0.4
<i>Sellimonas</i>	0.315	0.089	0.454	<i>Anaerostipes</i>	-0.024	0.237	-0.328	-0.6
<i>Intestinimonas</i>	0.295	0.037	0.472 *	<i>Bifidobacterium</i>	-0.077	0.263	-0.355	-0.8
<i>Romboutsia</i>	0.277	0.012	0.512 *	<i>Lactococcus</i>	-0.109	0.092	-0.258	
<i>Bacteroides</i>	0.256	0.069	0.401	<i>Dialister</i>	-0.119	-0.277	-0.043	
<i>Fusobacterium</i>	0.232	0.199	0.275	<i>Holdemanella</i>	-0.129	-0.028	-0.262	
<i>Frisingicoccus</i>	0.225	-0.016	0.397	<i>Clostridium_XIVb</i>	-0.148	0.003	-0.257	
<i>Gordonibacter</i>	0.224	0.023	0.362	<i>Megamonas</i>	-0.150	-0.038	-0.232	
<i>Neglecta</i>	0.215	-0.001	0.330	<i>Ruminococcus</i>	-0.168	-0.553	-0.033	
<i>Blautia</i>	0.201	0.172	0.239	<i>Leuconostoc</i>	-0.175	-0.102	-0.320	
<i>Parabacteroides</i>	0.194	0.130	0.263	<i>Veillonella</i>	-0.180	0.209	-0.466 *	
<i>Merdimonas</i>	0.187	0.225	0.231	<i>Slackia</i>	-0.211	-0.080	-0.340	
<i>Intestinibacter</i>	0.187	0.356	0.094	<i>Sutterella</i>	-0.214	0.029	-0.410	
<i>Faecalicatena</i>	0.180	0.207	0.129	<i>Catenibacterium</i>	-0.215	-0.280	-0.177	
<i>Negativibacillus</i>	0.179	0.090	0.288	<i>Ligilactobacillus</i>	-0.237	-0.145	-0.298	
<i>Eisenbergiella</i>	0.177	-0.213	0.482	<i>Coprococcus</i>	-0.254	-0.114	-0.356	
<i>Fournierella</i>	0.171	0.263	0.107	<i>Victivallis</i>	-0.273	-0.377	-0.206	
<i>Streptococcus</i>	0.151	0.474	-0.027	<i>Paraprevotella</i>	-0.281	-0.122	-0.306	
<i>Turcibacter</i>	0.151	-0.373	0.547 *	<i>Megasphaera</i>	-0.282	-0.229	-0.333	
<i>Anaeromassilibacillus</i>	0.151	0.084	0.200	<i>Oscillibacter</i>	-0.314	-0.248	-0.348	
<i>Hungatella</i>	0.149	-0.200	0.386	<i>Agathobacter</i>	-0.368 *	-0.181	-0.567 *	
<i>Rothia</i>	0.130	0.543 *	-0.157	<i>Prevotella</i>	-0.399	-0.261	-0.496	
<i>Clostridium_XIVa</i>	0.127	0.003	0.262	<i>Roseburia</i>	-0.401 *	-0.442	-0.433 *	

図：軽度認知障害（MCI）に関連する腸内細菌の分類群（菌属レベル）



軽度認知障害(MCI)患者に特徴的な腸内細菌叢の異常を解明。



本研究の成果は、国際学術誌『Biomedicines』に掲載されました。

(2023年6月22日付)

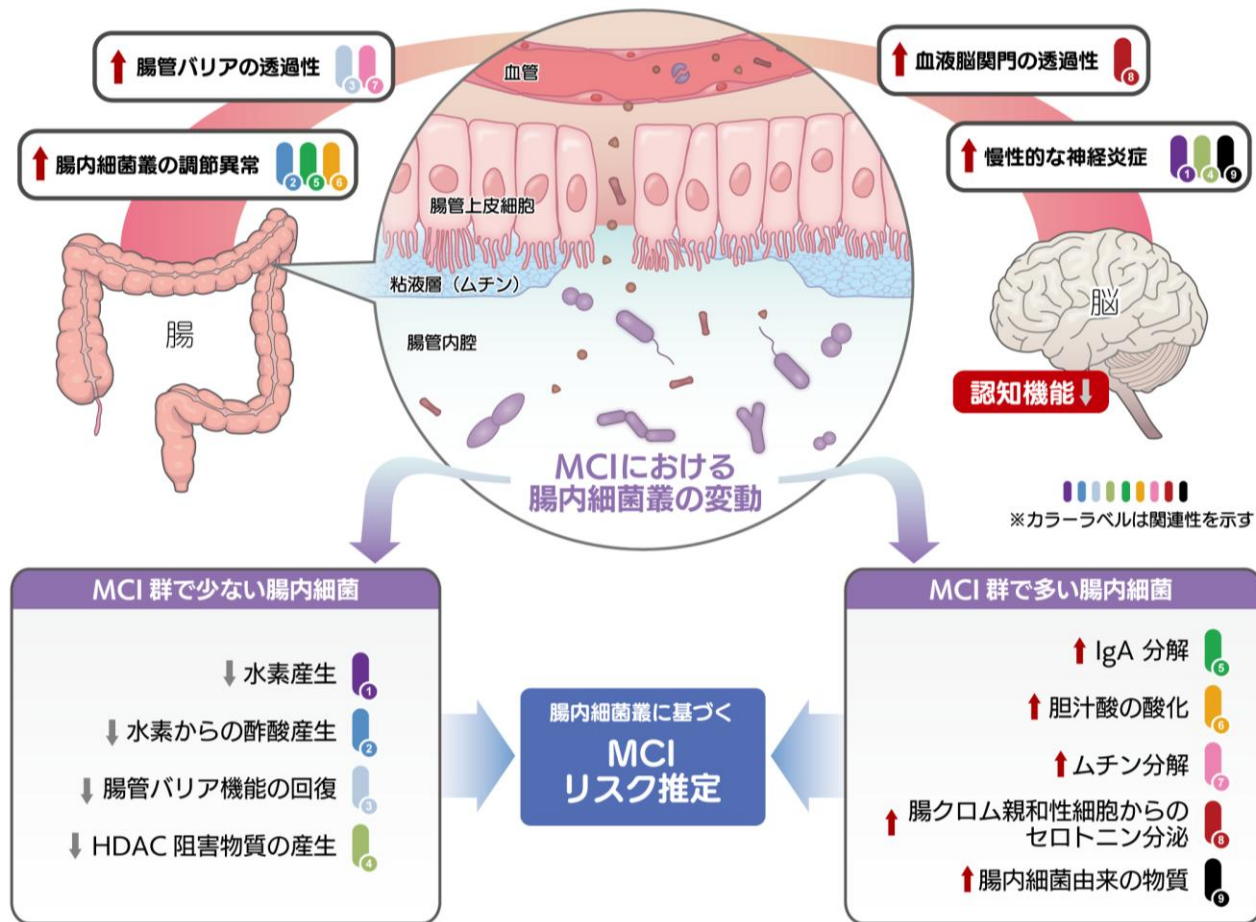
<https://www.mdpi.com/2227-9059/11/7/1789>

図：MCI罹患患者における腸内細菌叢の異常 (dysbiosis) とその作用の連関図



MCI患者に特徴的な腸内細菌叢の異常からMCIのリスク推定法を開発。

MCIに関連する腸内細菌叢の異常 (dysbiosis) とMCIリスクの推定

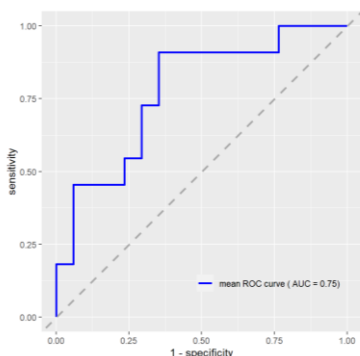
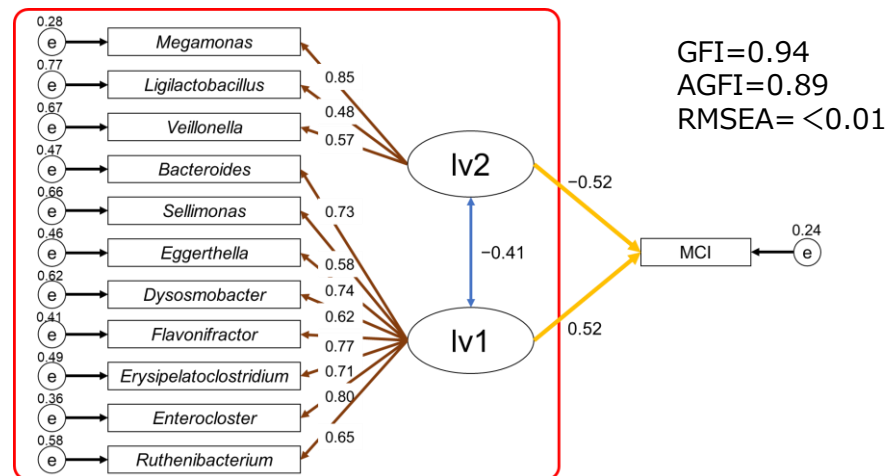
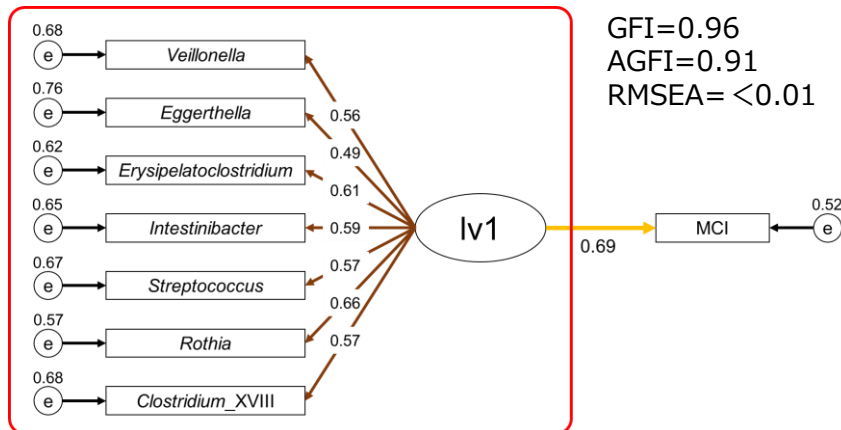




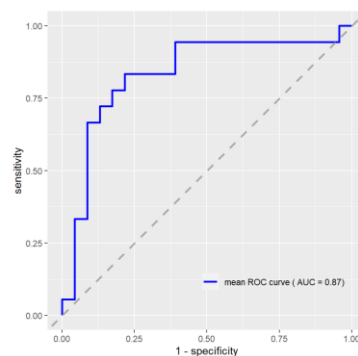
開発したMCIリスクの推定法は**高精度**で**MCI罹患者を判別**することが可能。

【男性】

【女性】



AUC=0.75



AUC=0.87

MCIのリスク推定モデルに対するROC (Receiver Operating Characteristic) 曲線

この腸内細菌叢データを用いた疾病リスクの推定法について特許取得済 (日本・米国)



第10回日本脳神経外科認知症学会学術総会

イブニングセミナー②

腸内環境を整え 認知症・軽度認知障害を 防ぐための最新情報

2026年

日時

6月27日（土）
17:00~18:00

会場

第2会場・4Fパール
城山ホテル鹿児島 [現地開催]

座長

猪原 匡史 先生
国立循環器病研究センター 副院長・脳神経内科部長

演者

堀 智勝 先生
森山脳神経センター病院 院長
脳と腸、認知症との関わり

演者

増山 博昭 氏
シンバイオシス・ソリューションズ株式会社 代表取締役
腸内細菌叢をターゲットとした軽度認知障害の予防・改善



腸内細菌叢と脳萎縮指標の関連（男性）

未発表のため非表示



これまでに**男性31、女性34**の**疾病リスクの推定法を開発し実用化**。

男性	
消化器系・腎尿路系の疾病	呼吸器系・アレルギー系の疾病
潰瘍性大腸炎	喘息
過敏性腸症候群	アトピー性皮膚炎
大腸がん	花粉症
逆流性食道炎	筋肉骨格系・結合組織の疾病
胃潰瘍	関節リウマチ
胃炎	関節痛
肝臓病	脊柱管狭窄症
慢性腎臓病、慢性腎不全	痛風
便秘	精神・行動の障害/神経系の疾病
痔	うつ病
代謝系・内分泌系の疾病	MCI（軽度認知障害）
2型糖尿病	認知症
循環器系の疾病	睡眠時無呼吸症候群
高血圧	男性特有の疾病
脳梗塞	前立腺がん
心筋梗塞	前立腺肥大症
不整脈	その他
狭心症	肥満
	緑内障

女性	
消化器系・腎尿路系の疾病	呼吸器系・アレルギー系の疾病
潰瘍性大腸炎	喘息
過敏性腸症候群	アトピー性皮膚炎
大腸がん	花粉症
逆流性食道炎	筋肉骨格系・結合組織の疾病
胃潰瘍	骨粗鬆症
胃炎	関節リウマチ
慢性腎臓病、慢性腎不全	関節痛
便秘	精神・行動の障害/神経系の疾病
代謝系・内分泌系の疾病	うつ病
2型糖尿病	MCI（軽度認知障害）
甲状腺がん	認知症
バセドウ病	片頭痛、頭痛
橋本病	女性特有の疾病
循環器系の疾病	乳がん
高血圧	子宮筋腫
脳梗塞	子宮内膜症
不整脈	月経前症候群（PMS）
狭心症	月経異常
	女性不妊症
	女性更年期症候群
	その他
	肥満



国立循環器病研究センター

脳卒中のリスクを予測するスコアの 研究・開発が進行中

- ・腸内細菌叢の情報を用いた脳卒中及び脳卒中後の合併症のリスクを予測するスコアの開発
- ・食事・栄養指導による脳卒中及び脳卒中後の合併症の予防効果の検討 他

■ 開発中の脳卒中リスク推定モデル【男性】（プロトタイプ）の精度

未発表のため非表示

2026年3月14日
日本脳卒中学会で中間発表

こんなに分かる！
マイクロバイームと腸活

腸内環境を整え脳卒中を 防ぐための最新情報

スポンサードセミナー 3-3

日時 2026年
3月14日（土）
9:40~10:40

会場 第3会場 [現地開催]
大阪国際会議場（グランキューブ大阪）6F

座長 佐治 直樹 先生
国立長寿医療研究センターもの忘れセンター 副センター長

演者 殿村 修一 先生
国立循環器病研究センター脳神経内科 医師
脳卒中患者の腸内細菌叢の特徴

演者 増山 博昭 氏
シンバイオンス・ソリューションズ株式会社 代表取締役
腸内細菌叢データを用いた脳卒中リスクの推定法

STROKE2026

脳卒中克服への挑戦
：次なる10年の展望

第51回日本脳卒中学会学術集会
第55回日本脳卒中の科学学会学術集会
第42回SAH/スバズム・シンポジウム



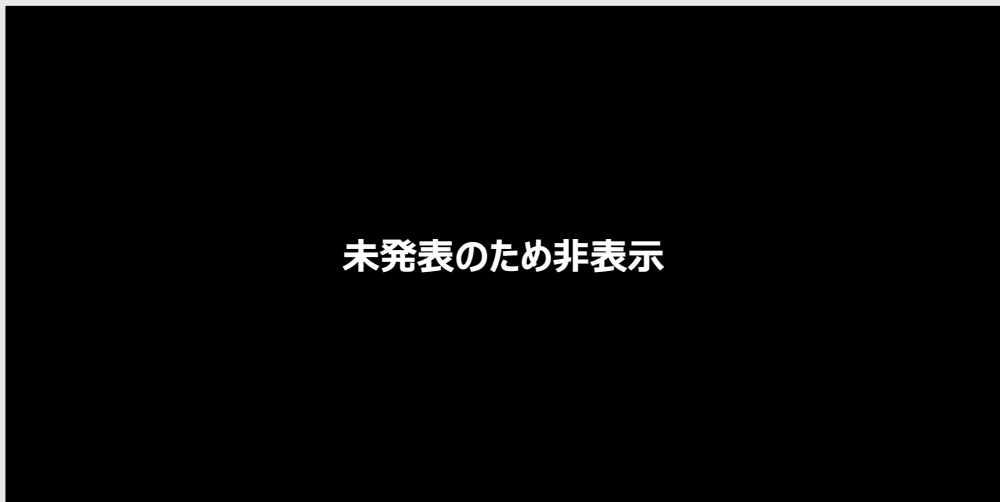


岡山大学学術研究院 他

IBD（潰瘍性大腸炎・クローン病）のリスクを予測するスコアの研究・開発が進行中

・腸内細菌叢が炎症性腸疾患（IBD：潰瘍性大腸炎・クローン病）の発生や経過等に与える影響を解析し、IBDのリスク推定法を開発

■ 開発中の潰瘍性大腸炎リスク推定モデル【女性】の精度



未発表のため非表示

2025年11月29日
日本消化器病学会で
中間発表



第124回日本消化器病学会中国支部例会



エキスパートセミナー4

2025年
日時 11月29日(土)
13:10~14:00

会場 第4会場
岡山コンベンションセンター
3F 302会議室

座長 大塚 基之 先生
岡山大学学術研究院医歯薬学域 消化器・肝臓内科学 教授

演者 高原 政宏 先生
岡山大学学術研究院医療開発領域 消化器内科 助教

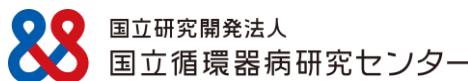
演者 増山 博昭 氏
シンバイオシス・ソリューションズ株式会社 代表取締役

研究参加施設（五十音順）：
岡山済生会総合病院／岡山大学病院／尾道市立市民病院／倉敷中央病院／住友別子病院／津山中央病院／
独立行政法人国立病院機構 福山医療センター／広島市立広島市民病院／姫路赤十字病院／三豊総合病院

IBD 腸内細菌プロジェクト
多施設共同研究の中間報告
潰瘍性大腸炎の治療に腸内細菌からのアプローチ
腸内細菌叢が医療現場で活用される未来へ



低体重



脳卒中



脳関連疾患



てんかん



フレイル



喘息、肺がん、他



肝胆道がん



炎症性腸疾患



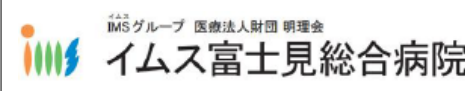
大腸がん



子宮頸がん



髄膜腫



乳幼児・小児関連



腸内細菌がいなくなると睡眠パターンが乱れる

2020年11月16日付プレスリリース

筑波大学国際統合睡眠医科学研究機構(WPI-IIIS)

柳沢 正史 教授

慶応義塾大学先端生命科学研究所

福田 真嗣 特任教授

www.nature.com/scientificreports

scientific reports

Check for updates

OPEN Gut microbiota depletion by chronic antibiotic treatment alters the sleep/wake architecture and sleep EEG power spectra in mice

Yukino Ogawa^{1,2,3}, Chika Miyoshi¹, Nozomu Obana¹, Kaho Yajima¹, Noriko Hotta-Hirashima¹, Aya Ikkyu¹, Satomi Kanno¹, Tomoyoshi Soga², Shinji Fukuda^{1,4,5,6,7} & Masashi Yanagisawa^{1,7,8,9,10}

Dysbiosis of the gut microbiota affects physiological processes, including brain functions, by altering the intestinal metabolism. Here we examined the effects of the gut microbiota on sleep/wake regulation. C57BL/6J mice were treated with broad-spectrum antibiotics for 4 weeks to deplete their gut microbiota. Metabolome profiling of caecal contents in antibiotic-induced microbiota-depleted (AIMD) and control mice showed significant variations in the metabolism of amino acids and vitamins related to neurotransmission, including depletion of serotonin and vitamin B6, in the AIMD mice. Sleep analysis based on electroencephalogram and electromyogram recordings revealed that AIMD mice spent significantly less time in non-rapid eye movement sleep (NREMS) during the light phase while spending more time in NREMS and rapid eye movement sleep (REMS) during the dark phase. The number of REMS episodes seen in AIMD mice increased during both light and dark phases, and this was accompanied by frequent transitions from NREMS to REMS. In addition, the theta power density during REMS was lower in AIMD mice during the light phase compared with that in the controls. Consequently, the gut microbiota is suggested to affect the sleep/wake architecture by altering the intestinal balance of neurotransmitters.

Sleep is a ubiquitous, indispensable brain function that maintains physiological homeostasis. Despite its importance, people living in modern society often suffer from sleep problems such as daytime sleepiness and insomnia. Sleep is strongly affected by internal and external environmental cues, including circadian rhythms and feeding. Food choice and the misalignment of feeding habits (i.e., what and when to eat) affect the size, composition, and diurnal rhythmicity of the gut microbiota¹⁻³. Fluctuations in the gut microbiota cause the alteration of metabolic state because many of the metabolites found in the intestinal lumen are produced by the microbiota, which processes compounds derived from foods⁴⁻⁶. The intestinal metabolic state is closely connected to brain function through the circulatory system and vagus nerve. These interactions are known as the “brain-gut axis” or “microbiota-gut-brain axis”^{7,8}. Dysbiosis of the gut microbiota leads to the impairment of brain functions

¹International Institute for Integrative Sleep Medicine (WPI-IIIS), University of Tsukuba, 1-1-1 Tennodai, Tsukuba, Ibaraki 305-0875, Japan. ²Institute for Advanced Biosciences, Keio University, 246-2 Mizukami, Kakuganji, Tsuruoka, Yamagata 997-0052, Japan. ³Food Research Institute, National Agriculture and Food Research Organization (NARO), 2-1-12 Kannondai, Tsukuba, Ibaraki 305-0642, Japan. ⁴Transborder Medical Research Center, University of Tsukuba, 2-1-1 Tennodai, Tsukuba, Ibaraki 305-0875, Japan. ⁵Intestinal Microbiota Project, Kanagawa Institute of Industrial Science and Technology, 3-25-13 Tonosachi, Kawasaki-ku, Kawasaki, Kanagawa 210-0821, Japan. ⁶Metabologenomics, Inc., 246-2 Mizukami, Kakuganji, Tsuruoka, Yamagata 997-0052, Japan. ⁷Life Science Center for Survival Dynamics, Tsukuba Advanced Research Alliance (TARA), University of Tsukuba, 1-1-1 Tennodai, Tsukuba, Ibaraki 305-0875, Japan. ⁸R&D Center for Frontiers of Mirai in Policy and Technology (F-MIRAI), University of Tsukuba, 1-1-1 Tennodai, Tsukuba, Ibaraki 305-0875, Japan. ⁹Department of Molecular Genetics, University of Texas Southwestern Medical Center, Dallas, TX 75390-5504, USA. ¹⁰email: sfukuda@sfc.keio.ac.jp; yanagisawa.masa.fu@u.tsukuba.ac.jp

Scientific Reports | (2020) 10:19354 | <https://doi.org/10.1038/s41598-020-76562-9> nature research

■ 慢性的な抗生物質投与によって**腸内細菌叢を除去したマウス**を用いて、腸内細菌叢と睡眠の関係を調査

✓ 盲腸内容物のメタボローム解析を行ったところ、腸内細菌叢除去マウスでは、正常なマウスと比較して神経伝達物質合成に関係するアミノ酸の代謝経路に有意な変動が認められた。

- **ビタミンB6が減少し、神経機能を調節するセロトニンが枯渇**
- **神経細胞の活動を抑えるグリシンとγアミノ酪酸 (GABA) が増加**

✓ 脳波と筋電図を指標として睡眠を解析すると、腸内細菌叢除去マウスでは、**明期（睡眠期）の睡眠が減り、暗期（活動期）の睡眠が増えており、睡眠・覚醒の昼夜のメリハリが弱まっていた**。また、**大脳皮質の活動が活発なレム睡眠に特徴的な脳波成分であるシータ波が減少**していた。

以上のことから、腸内細菌叢の除去が睡眠の質を低下させる可能性が示唆された。今後、腸内細菌叢から睡眠制御の仕組みへの情報伝達経路の解明や睡眠不足状態の解析を通じて、腸内環境と睡眠との相互作用を明らかにし、食を通じた腸内環境コントロールによる睡眠改善法の開発を目指します。

<https://doi.org/10.1038/s41598-020-76562-9>



PRESS RELEASE 2023/4/12



Gut Microbes



ISSN: 1949-0976 (Print) 1949-0984 (Online) Journal homepage: www.tandfonline.com/journals/kgmi20

睡眠不足が腸内細菌叢を乱すメカニズムを初めて解明

～αディフェンシンによる睡眠障害の改善に期待～

ポイント

- ・人の睡眠不足に伴う腸のαディフェンシン分泌量低下と腸内細菌叢の破綻の関係を初めて解明。
- ・睡眠不足が腸内細菌叢を錯乱し、代謝物である短鎖脂肪酸の低下を招くメカニズムを解明。
- ・世界的な健康問題となっている睡眠障害に対する予防や新規治療としての進展に期待。

概要

北海道大学大学院先端生命科学研究院の中村公則教授、同大学院医学研究院の玉腰暁子教授らの研究グループは、腸管自然免疫の作用因子である抗菌ペプチドαディフェンシンが睡眠時間の短い人ほど低いことを示し、そのことが睡眠不足における腸内細菌叢の破綻と免疫系の機能に重要な菌代謝産物である酢酸や酪酸など短鎖脂肪酸の低下に関与することを初めて明らかにしました。

北海道に居住する健康な成人を対象にした本研究は、睡眠不足とαディフェンシンによる腸内細菌叢の制御に焦点を当てることで、睡眠時間と腸内細菌叢さらには菌代謝産物とのこれまで全く知られていなかったメカニズムを明らかにした画期的な成果です。

睡眠は様々な生理機能の調節において極めて重要であり、睡眠不足によって腸内細菌叢の破綻 (dysbiosis) が生じ、それが精神的及び身体的不調を起こして様々な疾患リスクの亢進に関与することがこれまでに示唆されてきましたが、睡眠不足が dysbiosis を誘導するメカニズムは分かっていませんでした。この研究は、これまで不明だった短眠に伴って腸内細菌叢が破綻するメカニズムとしてαディフェンシンの関与を初めて示しました。睡眠不足は腸のαディフェンシン分泌低下と腸内細菌叢の組成及び機能の異常に関与することを明らかにし、脳腸相関から睡眠の新たな重要な視点を拓きました。

今後、この脳腸相関のメカニズムをターゲットとした睡眠障害に対する新規治療法の研究開発を通して、睡眠不足に伴う様々な疾患の克服から国民の健康寿命延伸に貢献することが期待されます。

なお、本研究成果は2023年3月21日(火)公開の国際学術専門誌 Gut Microbes にオンライン掲載されました。

Shorter sleep time relates to lower human defensin 5 secretion and compositional disturbance of the intestinal microbiota accompanied by decreased short-chain fatty acid production

Yu Shimizu, Ryodai Yamamura, Yuki Yokoi, Tokiyoshi Ayabe, Shigekazu Ukawa, Koshi Nakamura, Emiko Okada, Akihiro Imae, Takafumi Nakagawa, Akiko Tamakoshi & Kiminori Nakamura

<https://doi.org/10.1080/19490976.2023.2190306>



✓睡眠不足による抗菌ペプチドαディフェンシン分泌量の低下が腸内細菌叢の破綻(dysbiosis)を引き起こし、腸内細菌の代謝産物である酢酸や酪酸などの短鎖脂肪酸の低下につながることを解明



【総説】睡眠障害における脳・腸・腸内細菌叢の相互作用









bm.genomicpress.com

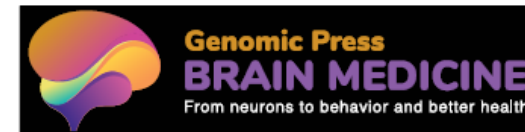
Brain Medicine

OPEN

THOUGHT LEADERS INVITED REVIEW

Brain-gut-microbiota interactions in sleep disorders

Zhe Wang^{1,2,#} , Tingting Wu^{3,#} , Juan Li^{2,#}, Tangsheng Lu⁴, Yifan Yu¹ , Zichun Guan³ , Guohao Yuan⁵ , Zhaoyan Lv² , Yiming Shan², Wei Yan¹, Xiaoxing Liu¹, Michael V. Vitiello⁶ , Qingqing Yin⁷, Jie Sun⁸, and Lin Lu^{1,2,4,9} 



Wang Z, Wu T, Li J, et al. *Brain-gut-microbiota interactions in sleep disorders*. *Brain Medicine*. 2025 Nov;1(6):31–52
<https://doi.org/10.61373/bm025i.0128>

【要約】睡眠は、心身の健康を維持するために不可欠な基本的な生理的プロセスである。睡眠・覚醒サイクルを調節する中枢神経系のメカニズムに関する理解は著しく進歩しているが、新たな知見により、腸内細菌叢・腸・脳軸を通じて脳機能や行動を調節する上で、末梢臓器、特に消化器系が重要な役割を果たしていることが明らかになってきた。腸と中枢神経系の間でのこの双方向のコミュニケーションネットワークは、睡眠の調節に直接的および間接的に影響を及ぼしている。腸内細菌叢の構成の乱れは睡眠障害と密接に関連しており、いくつかの睡眠障害や睡眠障害を併発する疾患において、腸内細菌叢・腸・脳軸の変化が観察されています。本総説では、**腸内細菌叢と睡眠・覚醒調節との相互作用に関する最新の知見を統合**し、睡眠と腸内細菌叢の相互作用における腸内細菌叢・腸・脳軸の潜在的な経路と、その健康への影響に焦点を当てます。**腸内細菌叢を調節することは、睡眠障害に対処するための新たな治療アプローチを開発する上で、有望な戦略となり得る。**



Wang Z, Wu T, Li J, et al. *Brain-gut-microbiota interactions in sleep disorders*. *Brain Medicine*. 2025 Nov;1(6):31–52
<https://doi.org/10.61373/bm025i.0128>

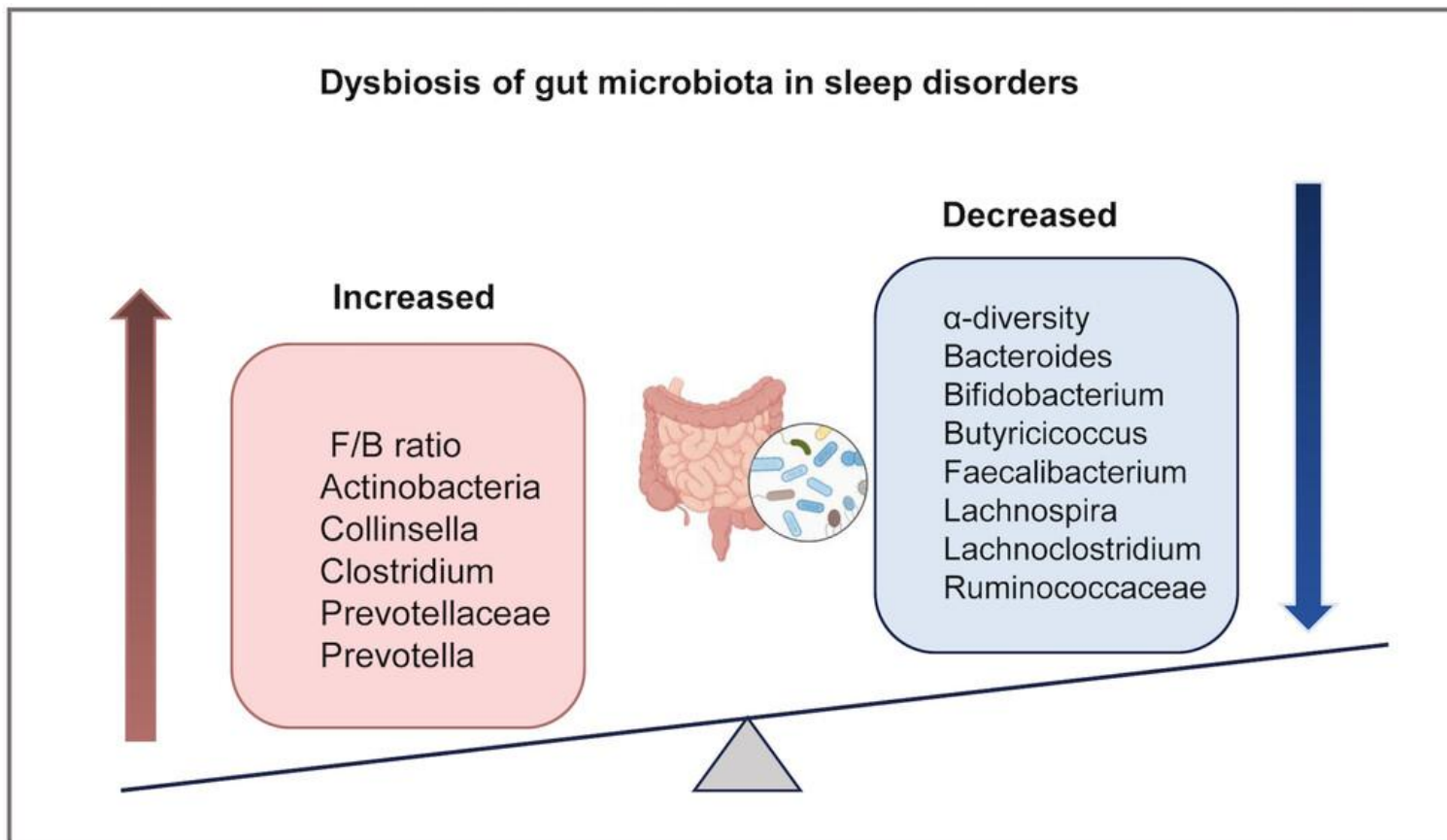


図2. 複数の睡眠障害に共通して見られる腸内細菌叢の変化

この図は、少なくとも2つの主要な睡眠障害において一貫して報告されている主要な細菌分類群の変化の方向性をまとめたものである。



睡眠と腸内細菌叢に関する先行研究事例 ③ [3/4]

CONFIDENTIAL

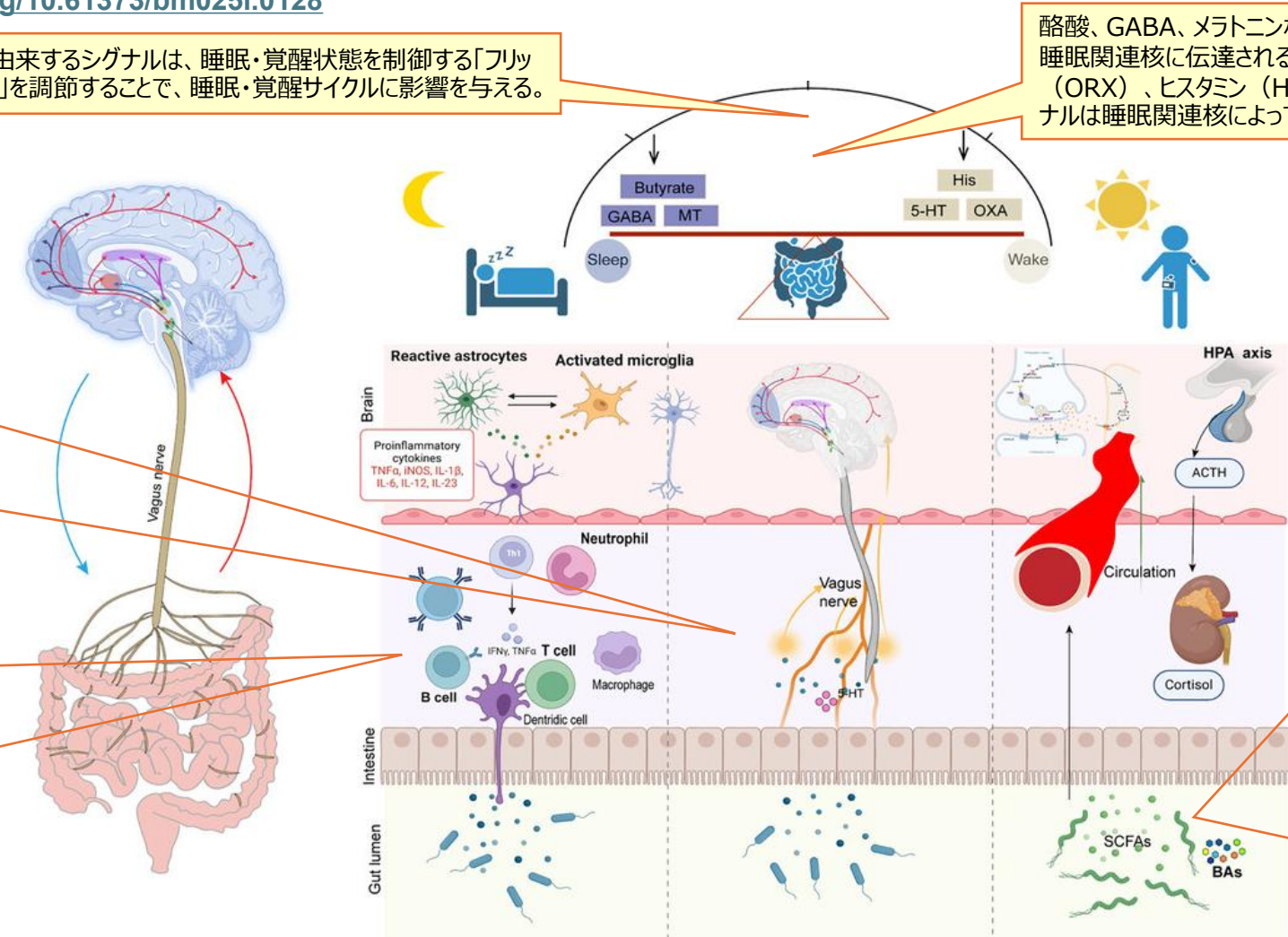
Wang Z, Wu T, Li J, et al. Brain-gut-microbiota interactions in sleep disorders. *Brain Medicine*. 2025 Nov;1(6):31–52
<https://doi.org/10.61373/bm025i.0128>

腸内細菌叢に由来するシグナルは、睡眠・覚醒状態を制御する「フリップフロップスイッチ」を調節することで、睡眠・覚醒サイクルに影響を与える。

酪酸、GABA、メラトニンなどの睡眠促進シグナルは睡眠関連核に伝達される一方、5-HT、オレキシン（ORX）、ヒスタミン（His）などの覚醒関連シグナルは睡眠関連核によって感知される。

神経経路では、腸内細菌とその代謝産物が腸管神経に影響を与え、迷走神経求心性経路と相互作用することで、睡眠に関連する脳領域や回路に影響を及ぼす。

免疫経路では、腸由来の免疫因子が血流および迷走神経求心性経路を介して伝達され、免疫応答やマイクログリアの活性化を調節することで、睡眠調節に影響を与える。



腸内細菌叢とその代謝産物は、視床下部-下垂体-副腎（HPA）軸を介して、睡眠に関連する脳領域にシグナルを送ることもできる。代謝および内分泌経路、腸由来の神経伝達物質、および胆汁酸（BA）や短鎖脂肪酸（SCFA）などの代謝産物は、全身循環を通じて睡眠に影響を与える可能性があります。さらに、ストレスによるHPA軸の活性化は、睡眠および腸内細菌叢の構成を変化させる可能性があります。

図3.腸内細菌叢・腸・脳軸を介した睡眠と腸内細菌叢の相互作用の模式図



Wang Z, Wu T, Li J, et al. *Brain-gut-microbiota interactions in sleep disorders*. *Brain Medicine*. 2025 Nov;1(6):31–52
<https://doi.org/10.61373/bm025i.0128>

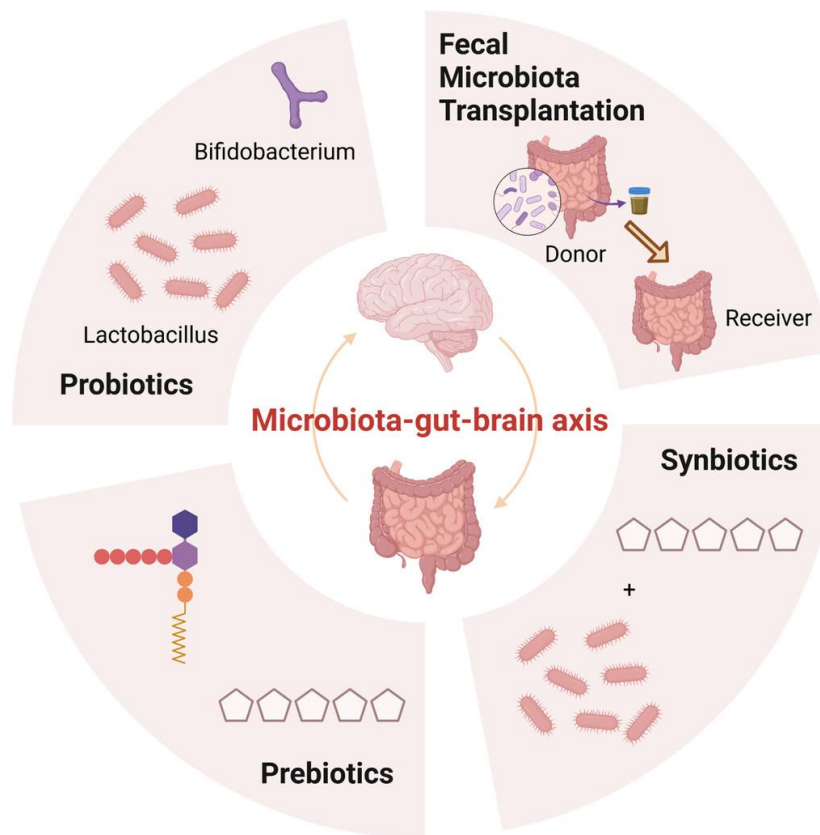


図4. 睡眠改善のための腸内細菌叢を対象とした戦略

プロバイオティクス、プレバイオティクス、シンバイオティクス、および糞便微生物移植（FMT）を含む腸内細菌叢を対象とした戦略は、腸内細菌叢に作用し、腸内細菌叢・腸・脳軸を通じて睡眠を調節する。これらの介入は睡眠の質を改善し、睡眠障害に対する潜在的な治療選択肢となる。



ご清聴ありがとうございました。



この資料は下記により作成されました

シンバイオシス・ソリューションズ株式会社

〒101-0064

東京都千代田区神田猿楽町2-8-11

VORT水道橋Ⅲ 3F

TEL: 03-6275-0878

FAX: 03-6275-0879

CONFIDENTIAL

※本資料は、シンバイオシス・ソリューションズ株式会社の承諾なしに貴社以外の第三者の閲覧に供することは出来ません。本資料のいかなる部分も、一切の権利はシンバイオシス・ソリューションズ株式会社に帰属しており、電子的または機械的な方法を問わず、いかなる目的であれ、無断での引用、転用、転載、転送、複製につきましては、固くお断りいたします。