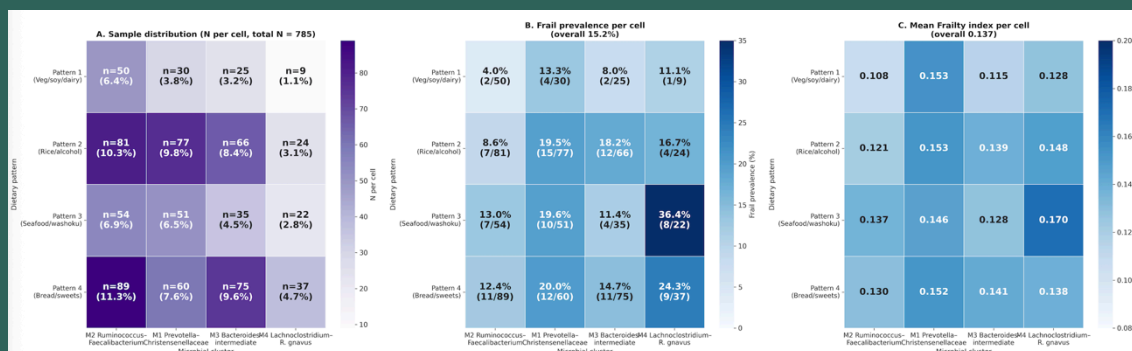


Dietary patterns and gut microbial clusters jointly stratified frailty in older Kyotango adults

Yuji Naito, Professor, Kyoto Prefectural University of Medicine

Frailty in community-dwelling older adults is shaped by both habitual diet and gut microbiota. However, whether dietary fiber acts on frailty via gut microbial composition remains unelucidated in Asian populations. The objective of this study is to quantify the joint contribution of dietary patterns and gut microbial clusters to frailty, and to test whether a butyrate-producer-rich microbial axis mediates the dietary-fiber-frailty relationship in older Japanese adults. We analysed 785 community-dwelling participants aged ≥ 65 years in Kyotango, a Japanese longevity region. Habitual dietary intake (BDHQ-derived 27 food groups) and stool 16S rRNA-derived genus-level microbiome (CLR-transformed) were summarised by Varimax-rotated PFA + k-means into four dietary patterns and four microbial clusters. A 32-item frailty index (FI; frail: FI ≥ 0.21) was derived via Searle's deficit-accumulation method. A pre-specified mediation model assessed whether the second microbial principal component (PC2; butyrate producers: *Faecalibacterium*, *Fusicatenibacter*, *Eubacterium eligens*) mediated the fibre-FI association, with bootstrap 95% CIs. Overall prevalence of frailty was 15.2%, varying nine-fold across the 16 diet $\times$ microbiota cells, from 4.0% (vegetable/soy/dairy pattern $\times$ *Ruminococcus*-*Faecalibacterium* cluster) to 36.4% (seafood/washoku pattern $\times$ *Lachnoclostridium*-*Ruminococcus gnavus* cluster). Higher fibre intake was inversely associated with FI ($\beta = -0.142$, $p < 0.0001$); Microbe PC2 partially mediated this effect (indirect $\beta = -0.016$, 95% CI -0.031 to -0.005 ; proportion mediated: 11.4%). Dietary patterns and gut microbial clusters jointly stratified frailty in older Japanese adults, with a small but consistent fiber-microbiota-frailty pathway. Combined dietary and microbial profiling may refine frailty risk assessment.



Join 4 x 4 = 16-cell stratification of frailty by dietary pattern x gut microbial cluster Kyotango cohort

京丹後市の高齢者における食事パターンと腸内細菌叢クラスターによるフレイルの層別化

内藤裕二 京都府立医科大学 教授

地域在住高齢者のフレイルは、習慣的な食事と腸内細菌叢の両者によって形成されます。しかし、アジア人集団において、食物繊維が腸内細菌叢の構成を介してフレイルに作用するかどうかは明らかになっていません。本研究の目的は、食事パターンと腸内細菌叢クラスターがフレイルに及ぼす複合的な寄与を定量化し、酪酸産生菌を豊富に含む細菌叢の軸が、日本人高齢者における食物繊維とフレイルとの関連を媒介するかどうかを検証することです。長寿地域として知られる京丹後市に居住する65歳以上の参加者785名を対象に解析を行いました。習慣的な食事摂取量(BDHQから算出された27の食品群)および糞便由来の16S rRNA解析による属レベルの細菌叢データ(CLR変換済み)を、バリマックス回転を伴う主因子法(PFA)とk-means法を用いて、それぞれ4つの食事パターンと4つの細菌叢クラスターに分類しました。フレイルの評価には、Searleらの「欠損蓄積法(deficit-accumulation method)」を用い、32項目からなるフレイル指数(FI;フレイルの定義は $FI \geq 0.21$)を算出しました。事前に設定した媒介モデルを用い、細菌叢の第2主成分(PC2;酪酸産生菌であるFaecalibacterium、Fusicatenibacter、Eubacterium eligensを含む)が食物繊維とFIとの関連を媒介するかどうかを、ブートストラップ法による95%信頼区間(CI)を用いて評価しました。フレイルの全体的な有病率は15.2%であり、食事と細菌叢の組み合わせによる16の区分間で9倍の差が見られました(最低値:4.0%[野菜・大豆・乳製品パターン × Ruminococcus-Faecalibacteriumクラスター]、最高値:36.4%[魚介類・和食パターン × Lachnoclostridium-Ruminococcus gnavuクラスター])。食物繊維摂取量が多いことはFIの低さと関連しており($\beta = -0.142$, $p < 0.0001$)、細菌叢PC2はこの影響を部分的に媒介していました(間接効果 $\beta = -0.016$, 95% CI $-0.031 \sim -0.005$;媒介割合 11.4%)。日本人高齢者において、食事パターンと腸内細菌叢のクラスターはフレイルの状態を複合的に層別化し、食物繊維・腸内細菌叢・フレイルという、小規模ながらも一貫した関連経路が認められました。食事と腸内細菌叢の情報を組み合わせたプロファイリングは、フレイルのリスク評価をより精緻なものにする可能性があります。