

III-138-1 Flush glucose monitoring (FGM) システムにおける前1週間と後1週間の血糖変動の比較

平井 千裕, 横田 一樹
医療法人社団よこた内科クリニック
【目的】リブレProを装着した患者の前半1週間と後半1週間の値を比較検討した。【対象・方法】対象は2017年1月5日～2020年8月31日までの期間に当院にてリブレProを2週間装着した2型糖尿病患者178人。前半と後半の平均グルコース値, TIR, TBR, TARを比較検討した。【結果】平均グルコース値は後半が有意に低下していた。TIRについても後半が有意に高かった。TBRは後半が有意に高く, TARは後半が有意に低かった。【考察】リブレPro装着中は後半1週間の方が有意に平均グルコース値は低下し, またTIRは有意に増加し, 血糖コントロールの改善傾向がみられた。この現象の理由に関しては血糖測定を行っているという患者意識の変化, あるいはリブレProの精度の変化などが関与している可能性が示唆された。

III-138-2 CGMによる新しい推定HbA1c算出法GMI (Glucose Management Indicator) についての検討

鳴嶋ひかる, 小野 百合, 遠藤寿美恵, 大平 孝枝
小野百合内科クリニック
【目的】1型糖尿病 (T1DM) 患者にCGMを装着しGMIを算出, 実測HbA1c (以下実A1c), TIR (70~180mg/dl) との関係を検討。【対象】外来通院中T1DM 55名57例 (LibrePro 22例, Dexcom G4 35例) 【方法】LibreProを14日DexcomG4を6日装着, 得られた平均血糖値 (AG) よりGMIを算出, 直近2Mの実A1cと比較検討, また実A1cとGMI, TIR, TAR (>250), TBR (<70) の相関を検討。【結果】実A1cは7.6±0.7%, CGMでのGMI 6.9±0.6%, TIR 63.4±13.4%, TBR 7.9±8.0%, TAR 27.7±14.6%だった。GMI>実A1cが8例 (Δ=+0.36±0.19%) (p<0.05), GMI<実A1cは49例 (Δ=-0.95±0.56%) (p<0.05) で Δ<±0.5%は16例 (28%)だった。実A1cとGMIに有意な正の単相関。実A1cとTIR, GMIとTIRには有意な負の単相関。GMIとTBRに有意な負の単相関, 実A1cとTAR, GMIとTARに有意な正の単相関あり。【結論】T1DM患者では実A1cを基本としCGMでのGMIやTIR, TAR, TBRは診療の一助となりうる。

III-138-3 持続血糖モニタリングデータ解析におけるMAGE自動計算アプリケーションの開発と正確性の検討

細見由佳子¹, 北江 彩², 宗川ちひろ¹, 木村 哲也², 濱口 真英¹, 北川 功幸³, 大坂 貴史⁴, 橋本 善隆⁵, 福井 道明¹
京都府立医科大学大学院医学研究科内分泌・代謝内科学¹, 京都府立医科大学附属病院医療情報部², 岡岡市立病院糖尿病内科³, 綾部市立病院内分泌・糖尿病内科⁴
【目的】血糖変動指標 (MAGE) は24時間の血糖変動の内, 標準偏差 (SD) を超える変動を平均した値である。血糖値の大きな変動のみを定量的にとらえることで治療効果判定等の指標となるが, 手動でしか計算できず算出が複雑で臨床に用いることは困難であった。我々は持続血糖モニタリングのCSVデータからMAGEを自動計算するアプリケーションを開発した。【方法】アプリケーションはMicrosoft Access®を用いて開発し有用性を検証した。糖尿病患者10名及び健康人10名のFlash Glucose Monitoring (FGM) 機器であるリブレpro® (Abbott) の測定値を用い, 手動と自動でそれぞれMAGEの値を算出し比較した。【結果】手動計算のHuman Errorを除いて, 手動計算値と自動計算値は小数点第一位まで一致した。【結論】MAGE自動計算アプリケーションは瞬時にMAGEを算出し, 結果もMAGEの定義に準拠していた。

III-138-4 透析中の2型糖尿病患者における間歇スキャン持続血糖測定器の精度評価に関する研究 (AIDT2H研究)

豊田 雅夫¹, 村田 敬², 齊藤 仁通¹, 木村 守次¹, 石田 直人³, 北村 真¹, 飛田 美穂⁴, 林 哲範⁵, 森口いづき⁶, 小林 直之⁷, 釣谷 大輔⁸, 坂尾 幸俊⁹, 松下 隆哉¹⁰, 伊藤 雪絵¹⁰, 鈴木 渉太¹¹, 笠間 周¹¹, 笠原 正登¹¹, 山川 正¹², 森 克仁¹³, 黒田 暁生¹⁴, 三浦順之助¹⁵, 廣田 勇士¹⁶, 阿部 雅紀¹⁷, 深川 雅史¹⁸, 坂根 直樹¹⁸, 細田 公則¹⁹
東海大学医学部腎内分泌代謝内科学¹, 国立病院機構京都医療センター糖尿病センター², 誠知クリニック³, くらた病院⁴, 北里大学医学部内分泌代謝内科学⁵, 相武台ニールクリニック⁶, 浜松医科大学内科学第二講座⁷, 浜名クリニック⁸, 東京医科大学八王子医療センター糖尿病・内分泌・代謝内科⁹, 奈良県立医科大学附属病院生命倫理監理室¹⁰, 奈良県立医科大学附属病院臨床研究センター¹¹, 横浜市立大学附属市民総合医療センター内分泌・糖尿病内科¹², 大阪市立大学大学院医学研究科腎臓病態内科学¹³, 徳島大学先端糖素学研究所糖尿病臨床・研究開発センター¹⁴, 東京女子医科大学糖尿病センター¹⁵, 神戸大学大学院医学研究科糖尿病・内分泌内科学部門¹⁶, 日本大学医学部内科学系腎臓高血圧内科学分野¹⁷, 国立病院機構京都医療センター臨床研究センター予防医学研究室¹⁸, 国立循環器病研究センター糖尿病・脂質代謝内科¹⁹
41例の血液透析中の2型糖尿病患者を対象として, FreeStyleリブレの各種精度指標の評価を行う多施設共同前向き観察研究を実施した。MARDは23.4%, MADは33.9 mg/dlであった。センサーグルコース値と毛細血管血糖値は有意に相関していたが (r = 0.858, P < 0.01), センサーグルコース値は毛細血管血糖値よりも有意に低かった。コンセンサスエラータリッド解析においてゾーンAとBに含まれた計測値は99.7%, クラックエラータリッド解析においてゾーンAとBに含まれた計測値は99.0%であった。有害事象として皮膚トラブルが7.3%に見られた。血液透析中の2型糖尿病患者においては, FreeStyleリブレの精度が不十分のため, 血糖自己測定 (SMBG) を併用することが必要であると考えられた。

III-138-5 SMBG機器の精度がpersonal CGMとprofessional CGMの較正精度に与える影響

武石 宗一, 井上 達雄
総合大中央病院糖尿病内科
SMBG機器の精度がCGMの較正精度に与える影響を検討した。Personal CGM (per) とprofessional CGM (pro) を6日間同時装着する2型糖尿病患者のA群28例及びB群20例をそれぞれ, 2, 3日目にISO15197:2013 (ISO) 準拠SMBG機器 [ISO], 4, 5日目にISO 非準拠SMBG機器 [notISO] で測定する群 [A1群及びB1群] と, 2, 3日目にnotISO, 4, 5日目にISOで測定する群 [A2群及びB2群] の2群に無作為に等しく割り付けた。A群はISOの固定2台とnotISOの固定2台を用い, B群は個々のSMBG機器を用いた。装着2日目～5日目の毎食前+就寝前と2日目, 5日目は加えて毎食後に較正を行い, MARDを評価した。A群, B群のper, proともISOのMARDはnotISOに比べ有意に小さかった (A群 per : p<0.001, pro : p=0.03) (B群 per : p<0.001, pro : p<0.001)。ISOはnotISOに比べ較正精度が高い。

III-139-1 2型糖尿病は複数の異なる後天的遺伝子修飾機序によりE-cadherinの発現を低下させ, 浸潤性膵癌の予後を悪化させる

原 裕太郎^{1,2}, 水上 浩哉¹, 竹内 祐貴¹, 工藤 和洋¹, 袴田 健一²
弘前大学大学院医学研究科分子病態病理学講座¹, 弘前大学大学院医学研究科消化器外科学講座²
膵癌において2型糖尿病は予後不良因子であるが, そのエビデネティクスの解明は不十分である。2014年から2019年の間に, 膵癌の手術を施行された134例を対象とし後方視的に検討した。全生存期間の中央値は933日であり, E-cadherin/low (p=0.05) と糖尿病長期罹患 (p=0.05) が予後不良因子であった。CDH1promoter領域のメチル化は, 2型糖尿病 (p<0.01), E-cadherin/low (p=0.03) および糖尿病長期罹患 (p<0.01) が関連していた。miR-100-5pは, 2型糖尿病 (p=0.04) とE-cadherin/low (p<0.01) が関連しており, 術前高血糖と関連する傾向があった。2型糖尿病における膵癌の予後には, メチル化とmicroRNAを介したE-cadherinの制御が関与していると考えられた。

III-139-2 メトホルミンがDPP-4不全乳癌の肺転移/EMTに与える影響

川北 恵美, 金崎 啓造
鳥根大学医学部内科学講座内科学第一
我々はDPP-4阻害がCXCL12分解抑制を介してCXCL12/CXCR4/mTOR経路依存性にepithelial mesenchymal transition (EMT) を誘導し, 乳癌の肺転移を惹起することを既に報告した。メトホルミン (Met) によるmTOR制御が報告されており, MetはDPP-4阻害による転移誘導を抑制すると仮説した。同種移植乳癌モデルマウスにおいて, Metの投与はDPP-4阻害薬 (KR62346) 投与により誘導された肺転移およびmTOR経路活性化を抑制した。shRNAによるDPP-4ノックダウン実験でも同様の効果が得られた。in vitroにて, MetはDPP-4阻害によるmTOR活性化・EMT/stemness誘導を抑制した。Met単独では転移抑制効果を認めず, DPP-4阻害により異常なmTOR活性化/stemcell化が誘導された癌細胞がMetの標的になった可能性が考えられた。以上より, DPP-4阻害は乳癌の肺転移を誘導したがMet併用によりmTOR制御依存的に抑制し得る可能性が示唆された。

III-139-3 演題取り下げ