

依頼総説

腸内細菌叢とスポーツ栄養

宮地 元彦

早稲田大学スポーツ科学学術院

腸内細菌は、ヒトの場合100種から3,000種類、100兆個から1,000兆個、重量にすると約1.5～2 kgが腸に生息している。腸内細菌は互いに共生し、宿主であるヒトとも共生関係にある。宿主が摂取した食事を主な栄養源として増殖し、同時に様々な代謝物を産生する。腸内細菌は、食物繊維を構成する難分解性多糖類を脂肪酸に転換して宿主にエネルギー源を供給し、外部から侵入した病原細菌が腸内で増殖するのを防止する感染防御の役割を果たすなど、宿主の恒常性維持に役立っている。また、腸内細菌間のバランスの崩れは、様々な疾患の発症に関連する可能性が指摘されている。食事と腸内細菌叢に関する研究に加え、運動と腸内細菌叢に関する研究が近年盛んに行われている。ラグビープロ選手の腸内細菌叢は一般人より多様性が高いこと、最大酸素摂取量は腸内細菌叢の多様性や糞便中の短鎖脂肪酸の濃度と正相関すること、持続的トレーニングやアスリートのコンディショニングによる介入で腸内細菌叢が変化することが示唆されている。また、腸内細菌叢やそれを反映する排便がトレーニングやコンディショニング、健康づくりに活用できる可能性も示唆されている。腸内細菌叢情報をスポーツ栄養分野においてどのように活用していくかに関して今後の研究の発展が期待される。

キーワード：アスリート 運動 食事 生活習慣 腸内細菌

I はじめに

ヒトの腸内には重量にして1～2 kg、総数100～200兆個、種類にして100～3,000種の腸内細菌が共生している。ヒトの糞便の約半分は腸内細菌もしくはその死骸であることから、糞便を分析することで共生する腸内細菌叢の状態を知ることができる¹⁾。腸内細菌叢は宿主であるヒトの生理機能と関連していることが明らかになってきた。病原体の排除、食物繊維の消化、短鎖脂肪酸・ビタミン類の産生、神経伝達作用のある物質の合成、免疫制御などである²⁾。

腸内細菌叢の研究が急速に発展した最大の要因は2005年頃から始まった次世代シーケンサーの普及による。それまでは顕微鏡下における微生物の形態の観察とそれに基づく分類体系の確立、生きた菌の培養技術を用いた研究が用いられてきたが、これらの手法では細菌叢の網羅的な解析には不十分であった。次世代シーケンサーは、DNAの塩基配列を、超並列的に短時間で決定する技術で、数百～千数百の種で構成される腸内細菌叢のような大規模な解析対象に対して用いられ、時間あたりに解析可能な配列長、配列長あたりのコストの点で、従来法を桁違いに凌ぐ効率を誇る。

2008年には、次世代シーケンサー技術を用いて、米

国でヒトマイクロバイームプロジェクト、欧州でメタヒットと呼ばれる、ヒトと共生する細菌叢の実態解明に関する大規模研究プロジェクトが展開された。細菌叢：microbiomeをキーワードにし、PubMedで文献検索すると、2005年には206本の論文がヒットするに過ぎないが、2010年には1,070本、2015年には6,222本、2020年には17,700本がヒットし、指数関数的に研究論文数が増加している。

米国やEUでの大規模プロジェクトの大規模研究の成果として、人共生細菌叢は身体部位により大きく異なること³⁾、腸内細菌叢の構造は大きくバクテロイデス型、ルミノコッカス（フィーカリバクテリウム）型、プレボテラ型の3つのタイプ（エンテロタイプ）に大別できること⁴⁾、肥満、心臓疾患、がんといった非感染性疾患の発症や進行に関連する菌が存在すること^{5)～7)}などが少しずつ明らかになってきた。また、腸内細菌叢は国や地域によって大きく異なること⁸⁾、成長に伴って腸内細菌叢が形成され、4～5歳で多様性（種類が多くかつバランスがそれらの割合が均一である状態）が安定してくること⁹⁾、これらの違いや変化に環境や食事が関連する可能性があること^{2),10)}などが明らかになってきた。

本総説では、腸内細菌叢と宿主の生活習慣、特に食

事・栄養と身体活動・運動との関連について、これまでの研究成果を概観することを目的とした。

II 食事・栄養と腸内細菌叢

食事は腸内微生物叢構成を調節することによって、人間の健康に影響しているようだ。次世代シーケンサーで解析した腸内細菌叢と食事・栄養摂取との関係を初めて紹介したのは、2011年にScienceに発表された論文である。98人の糞便サンプルの16S rDNAシーケンシングの結果と食事調査の結果とを比較した横断観察では、習慣的な食事の特徴、特にタンパク質と動物性脂肪の摂取が多いとバクテロイデス型、炭水化物の摂取が多いとプレボテラ型のエンテロタイプに分類されるケースが多い。さらに10人の被験者に対し、高脂肪/低繊維または低脂肪/高繊維食を10日間連続摂取させる介入により、開始してから24時間以内にマイクロバイオーム組成が変化した。10日間の研究の間に落ち着き、個人々のエンテロタイプは大きく変化しないことが示された。このことから、腸内細菌叢のエンテロタイプは長期の食事の習慣と関連することが示唆された¹⁰⁾。この2011年の研究以降、食事と腸内細菌叢に関する多くの研究が行われてきた。2014年にnatureに発表された論文では、10名の被験者を対象とした完全動物由来食と完全植物由来食をそれぞれ連続5日間ずつ喫食する介入研究が実施され、動物由来食では腸内細菌叢のβ多様性指数が喫食開始わずか2日後に有意に増加し、喫食終了後2日目に元の細菌叢の多様性に回復した。また植物由来食喫食期間では酢酸や酪酸といった炭水化物発酵由来の短鎖脂肪酸が動物由来食喫食期間よりも有意に高値を示した一方、動物由来食喫食期間ではイソ吉草酸やイソ酪酸といったアミノ酸発酵由来の代謝産物が高値を示した¹¹⁾。これらの結果は動物由来や植物由来の極端な食事の変化に対し、腸内細菌叢がその構成や代謝産物を急速に適應させることができることを示唆している。栄養素のバランスが良く、健康食と評価されている日本食の影響について、我が国の研究者によって検討され、1975年当時の日本人の平均的な食事を4週間摂取させる介入の効果を検討した結果、介入群と対照群との間で、ラクノスピラ、パラバクテロイデス、サッテラなどの4つの腸内細菌の変化に差が見られ、介入群では体脂肪率、血中中性脂肪、HbA1cの低下が観察された¹²⁾。

特定の食品の摂取が腸内細菌叢に及ぼす影響についても検討されている。無作為割り付け介入研究によって、食物繊維を多く含む食事は腸内細菌叢の代謝機能を向上させ、代謝産物としての短鎖脂肪酸の産生を増やす。発酵食品は腸内細菌叢の多様性を増やし、腸管の炎症シグナルを低下させる効果が期待されている¹³⁾。世界中の脳卒中や心筋梗塞などの循環器疾患の

発症に最も関連する塩分の摂取に関して、145名を対象とした6週間の減塩介入によって、腸内細菌叢が産生する酪酸、吉草酸などの短鎖脂肪酸の宿主における血中濃度が増加し、その増加の程度が血圧や動脈硬化度の低下と関連していることが示唆されている¹⁴⁾。

他にも多くの研究が実施されているが、横断研究も介入研究も共に一つの研究で数十名程度、多くても100名あまりの研究参加者による知見が多く、得られた結果において食事や栄養摂取と関連する、あるいは食事介入によって有意に変化する腸内細菌に一貫性がないことから、食事・栄養摂取と腸内細菌叢との関係が明確となるには一層の研究が必要である。

III スポーツ・身体活動と腸内細菌叢

スポーツ・身体活動と腸内細菌叢との関連も注目されるようになってきた。私たちの文献渉猟の範囲内でスポーツと次世代シーケンサーで解析した腸内細菌叢との関係を最初に報告したのは、2014年のClarkらによるプロラグビーフットボール選手の腸内細菌叢の特徴に関する横断研究である¹⁵⁾。ラグビー選手は正常体格の対象者と選手と体格を一致させた対象者と比較して、多様性が高いことを示した。また菌種別では、ラグビー選手は腸管内の粘膜炎層の産生に寄与するアカマンシウムチニフィラが豊富であることも示された。腸内細菌叢の多様性が高いことやムチン層の豊富さは、環境変化に対して腸内細菌叢の構成が崩れにくく、宿主にとっては消化器の状態が安定し易いことを示唆している。

体力と腸内細菌叢との関連も報告されている。全身持久力の指標である最大酸素摂取量は菌種数と正の相関関係 ($R^2 = 0.204$) にある¹⁶⁾。また、ファーミキューテス門とバクテロイデス門の比率F/B比が体重当たりの最大酸素摂取量と正の相関 ($R^2 = 0.227$) にある¹⁷⁾。これらの関係には単に運動習慣の有無だけでなく、食事やその他の要因が関与している可能性を否定できない。F/B比が高い人は肥満である割合が高いことが報告されている¹⁸⁾。全身持久力を高く保つための有酸素性トレーニングは多くのエネルギー消費を伴うゆえ、多くのエネルギー摂取が必須である。食事からエネルギーを効率的に吸収し、かつ無駄なく利用することにF/B比が高い腸内細菌叢が貢献しているかもしれない。

IV 運動介入（トレーニング）と腸内細菌

運動が腸内細菌叢に及ぼす影響を検討した介入研究も2018年頃から発表されている。日本人高齢者を対象にしたランダム化クロスオーバー運動介入試験の成果がTaniguchiらによって報告されている¹⁹⁾。33人の日

本人男性が5週間の持久力運動プログラムに参加した。16S rDNAシーケンシングのメタゲノム分析により、持久性運動介入が腸内細菌叢の多様性を増加させることはなかったが、菌種の変化としてクロストリジウムディフィシルの相対的な豊富さが運動介入期間中に有意に減少し、オシロスピラは運動介入中に有意に増加した。クロストリジウムディフィシルは腸炎の発症に関連し、オシロスピラは難消化性食物繊維から短鎖脂肪酸を多く産生する能力が高いことから、この研究の結果は、中高齢者の運動トレーニングに腸内の環境を整える役割を持つ菌を増やす効果があることを期待させる。

高強度インターバルトレーニングと中強度持久的トレーニングの効果の違いを比較した無作為割り付け介入研究では、高強度トレーニングの方が中強度トレーニングよりもバクテロイデス門の存在比の増加量が有意に高いことが示された。一方で、赤澤らは、アスリートの通常期とコンディショニング期との間の腸内細菌の変化を比較し、コンディショニング期にバクテロイデスが減少し、ブラウティアやピフィドバクテリウムが増加した²⁰⁾。前述のいくつかの研究で変化が観察された菌の特徴として、クロストリジウムディフィシルは腸炎の発症に関連し、オシロスピラ、バクテロイデス、ブラウティアは難消化性食物繊維から短鎖脂肪酸を多く産生する能力が高く、ピフィドバクテリウムは酢酸を産生して腸内のpHを顕著に低下させ、腸内の環境を整える役割を持つ菌であることが知られている。この他にも私たちの文献渉猟の範囲内で15編程度の介入研究が見つかったが、一貫した運動介入効果が見られていない。この理由として、多くの菌から構成される腸内細菌叢構造の変化や、数十属、数百種もの中から一貫して変化する菌属種を見出すためには、食事・栄養研究での課題と同様に、どの研究も被験者数が十分でないことを挙げることができる。やはりこの分野においても、今後、多人数を対象としたより大規模な腸内細菌叢研究を実施することが不可欠である。

V 医薬基盤・健康・栄養研究所の腸内細菌叢研究

近年の急速な腸内細菌叢研究の発展により、腸内細菌叢に対する私たち宿主であるヒトの生活習慣、特に食事や身体活動の影響が明らかになりつつある。その一方で、ほとんどの研究において、数百種類の腸内細菌叢全体を俯瞰するには、研究の規模、すなわち研究サンプル数が不十分であり、そのため研究間で一貫した知見を得られていないのが現状である。

そこで医薬基盤・健康・栄養研究所では、医薬基盤研究所と国立健康・栄養研究所の合併を機に、それぞれの持つ研究のノウハウや特徴を併せることでその相

乗効果を狙った研究（シナジー研究）として、腸内細菌叢に焦点を当てた新しい生活習慣病の予防法に関する疫学研究を開始することになった。医薬基盤研究所の遺伝子や代謝産物の分析技術やバイオインフォマティクス技術と、国立健康・栄養研究所の疫学や栄養学的手法を融合させた研究を、2015年から開始した。その成果として公表されたのが日本人の腸内細菌叢データベース：NIBIOHN JMD (<https://microbiome.nibiohn.go.jp>) である。NIBIOHN JMD には、16S rRNA遺伝子アンプリコンシーケンシングとショットガンメタゲノムシーケンシングの腸内細菌叢データに加え、食事や身体活動などの生活習慣に関する様々なデータ（表現型メタデータ）が格納されている。また一部の参加者については、経時的な繰り返し測定データや、口腔内や皮膚などの細菌叢データを追加で格納している。さらには、可視化や関連解析を可能とする独自に開発した統合解析プラットフォームMANTAを用いた統計解析も可能となっている。世界最大規模の腸内細菌叢データベースとして、そのデータは、日本人の腸内細菌叢の理解や、様々な健康状態や疾患と腸内細菌との関わりを解明する研究など、様々な研究に利用されることが期待されている。

そのNIBIOHN JMDに格納されたデータを用いて公表された研究の一部を紹介する。一つ目は1,596名の健常な日本人を対象とした2つのコホートから得られた、腸内細菌叢の構成とその変動因子に関する横断研究である²¹⁾。この研究では2つの独立したコホートを別々に分析し、宿主の300項目に及ぶ生活習慣や身体特徴の中から腸内細菌叢の多様性指数に関連する、2つのコホートに共通する因子を探索した。コホートAでは居住地域、糞便の形状、性別、年齢、排便頻度、運動習慣、仕事の役職、ビール、脂肪を多く含む食品、コーヒー、うどんの摂取が、コホートBでは糞便の形状、性別、年齢、排便頻度、水泳の運動習慣、糞便の匂い、BMI、ビール、味噌汁、魚介類の摂取が、腸内細菌叢の多様性指数と独立して関連していた。2つのコホートで共通していた要因は、性別、年齢、糞便の形状、排便頻度、ビール飲酒の5項目に過ぎなかった。これまで多くの研究で、腸内細菌叢の多様性と食事や身体活動との関連が強調されてきたが、その寄与率は高くなかった。その理由としては、参加者の多くが健常で、同じ日本人であることから、その食事や身体活動といった生活習慣に大きな違いがなかったことが背景にあると推測される。

また、糖尿病の予防や改善に効果的な腸内細菌叢やその代謝産物の探索を試みる研究²²⁾が行われ、データベースからBMIと関連する複数の腸内細菌のうち、その存在比がBMIと最も強く逆相関したブラウティアウエクセラエ (*Blautia Wexlerae*) が同定された。ブラウティアウエクセラエを、高脂肪食を摂取させ

たマウスに経口投与すると、体重増加と耐糖能異常が抑制されることが明らかとなった。また、ブラウティアウエクセラエがその代謝経路を用いて多く産生するS-アデノシルメチオニン、アセチルコリン、I-オルニチンの3つの代謝産物を、高脂肪食を摂取したマウスに経口投与すると、菌体そのものを投与したのと同様に、体重増加と耐糖能異常が抑制された。これらの結果から、ブラウティアウエクセラエとその代謝産物は肥満や糖尿病の予防に効果的である可能性が示唆された。

VI まとめと展望

宿主であるヒトの食事や運動といった生活習慣や腸内細菌叢との関連が、ほんの一部ではあるが明らかになりつつある。一方で、数百に及ぶ宿主の生活習慣因子と数百種に登る腸内細菌叢との関係の組み合わせは数万から数百万通りであり、それらの関係を解明するためにはより多くの研究の推進が必要である。

これまでの限られた研究成果に基づいて、腸内細菌叢の検査結果をもとに健康アドバイスを提供する商品や、サプリメントや食品の製造・販売などが、一般消費者を対象に始まっている。スポーツ栄養学の分野においては、アスリートの栄養サポートやコンディショニングの新しい方法の開発や、運動と食事の相互作用に基づいた新しい健康増進法が開発が期待されている。腸内細菌叢研究から得られたエビデンスが、医療や公衆衛生の臨床や現場、ひいては健康サービスとして一般消費者に安心して利用されるためには、運動と食事が腸内細菌叢に及ぼす影響や腸内細菌叢が宿主の健康状態やコンディショニングに及ぼす影響に関するエビデンスを一層蓄積しなければならない。

NOBIOHN JMDは食事・栄養、身体活動・運動に関する膨大なメタデータを収載しているため、スポーツ栄養学の発展に寄与する強力なツールとなりうる。腸内細菌叢研究をスポーツ栄養の研究に生かしたい研究者の皆様にはアクセスや活用をお願いしたい。

謝辞

本論文執筆のもととなった研究は、厚生労働科学研究費補助金(201709002B)、日本学術振興会科学研究費補助金基盤B(20H04117)の支援を受けて実施された。著者の関連する多くの腸内細菌叢研究の実施にあたり、村上晴香先生(立命館大学)、小西可奈先生(東洋大学)、大野治美先生(桐生大学)、國澤純先生、細見晃司先生、水口賢二先生、朴鐘旭先生、川島和先生、窪田哲也先生(医薬基盤・健康・栄養研究所)、谷澤薫平先生、渡邊大輝先生、赤澤暢彦先生(早稲田大学)の多大なる支援を頂いた。また、本講演における発表

の機会を与えて下さった日本スポーツ栄養学会第8回大会大会長の柳沢香絵先生(相模女子大学)、当学会会長の木村典代先生(高崎健康福祉大学)、当学会理事で本講演の座長を務めて頂いた寺田新先生(東京大学)に、心から謝意を表する。

利益相反

本研究内容に関して利益相反は存在しない。

文献

- 1) Irie, J., Itoh, H.: 3. Gut Microbiome and Obesity. *Nihon Naika Gakkai Zasshi.*, 104,703-709, doi:10.2169/naika.104.703 (2015)
- 2) Human Microbiome Project Consortium: Structure, function and diversity of the healthy human microbiome. *Nature.*, 486,207-214, doi:10.1038/nature11234 (2012)
- 3) Oh, J., Byrd, A.L., Deming, C., et al.: Biogeography and individuality shape function in the human skin metagenome. *Nature.*, 514,59-64, doi:10.1038/nature13786 (2014)
- 4) Arumugam, M., Raes, J., Pelletier, E., et al.: Enterotypes of the human gut microbiome. *Nature.*, 473,174-180, doi:10.1038/nature09944 (2011)
- 5) Tabata, T., Yamashita, T., Hosomi, K., et al.: Gut microbial composition in patients with atrial fibrillation: effects of diet and drugs. *Heart. Vessels.*, 36,105-114, doi:10.1007/s00380-020-01669-y (2021)
- 6) Koeth, R.A., Wang, Z., Levison, B.S., et al.: Intestinal microbiota metabolism of l-carnitine, a nutrient in red meat, promotes atherosclerosis. *Nat. Med.*, 19,576-585, doi:10.1038/nm.3145 (2013)
- 7) Yachida, S., Mizutani, S., Shiroma, H., et al.: Metagenomic and metabolomic analyses reveal distinct stage-specific phenotypes of the gut microbiota in colorectal cancer. *Nat. Med.*, 25, 968-976, doi:10.1038/s41591-019-0458-7 (2019)
- 8) Nishijima, S., Suda, W., Oshima, K., et al.: The gut microbiome of healthy Japanese and its microbial and functional uniqueness. *DNA. Research.*, 23,125-133, doi:10.1093/dnares/dsw002 (2016)
- 9) Odamaki, T., Kato, K., Sugahara, H., et al.: Age-related changes in gut microbiota composition from newborn to centenarian: a cross-sectional study. *BMC. Microbiol.*, 16, 90, doi:10.1186/s12866-016-0708-5 (2016)
- 10) Wu, G.D., Chen, J., Hoffmann, C., et al.: Linking Long-Term Dietary Patterns with Gut Microbial Enterotypes. *Science (1979)* ., 334,105-108, doi:10.1126/science.1208344 (2011)
- 11) David, L.A., Maurice, C.F., Carmody, R.N., et al.: Diet

- rapidly and reproducibly alters the human gut microbiome, *Nature.*, 505,559–563, doi:10.1038/nature12820 (2014)
- 12) Kushida, M., Sugawara, S., Asano, M., et al.: Effects of the 1975 Japanese diet on the gut microbiota in younger adults, *J. Nutr. Biochem.*, 64,121–127, doi:10.1016/j.jnutbio.2018.10.011 (2019)
 - 13) Wastyk, H.C., Fragiadakis, G.K., Perelman, D., et al.: Gut-microbiota-targeted diets modulate human immune status, *Cell.*, 184,4137–4153, doi:10.1016/j.cell.2021.06.019 (2021)
 - 14) Chen, L., He, F.J., Dong, Y., et al.: Modest Sodium Reduction Increases Circulating Short-Chain Fatty Acids in Untreated Hypertensives, *Hypertension.*, 76,73–79, doi:10.1161/HYPERTENSIONAHA.120.14800 (2020)
 - 15) Clarke, S.F., Murphy, E.F., O'Sullivan, O., et al.: Exercise and associated dietary extremes impact on gut microbial diversity, *Gut.*, 63,1913–1920, doi:10.1136/gutjnl-2013-306541 (2014)
 - 16) Estaki, M., Pither, J., Baumeister, P., et al.: Cardiorespiratory fitness as a predictor of intestinal microbial diversity and distinct metagenomic functions, *Microbiome.*, 4,42, doi:10.1186/s40168-016-0189-7 (2016)
 - 17) Durk, R.P., Castillo, E., Márquez-Magaña, L., et al.: Gut Microbiota Composition Is Related to Cardiorespiratory Fitness in Healthy Young Adults, *Int. J. Sport. Nutr. Exerc. Metab.*, 29,249–253, doi:10.1123/ij-s-nem.2018-0024 (2019)
 - 18) Turnbaugh, P.J., Ley, R.E., Mahowald, M.A., et al.: An obesity-associated gut microbiome with increased capacity for energy harvest, *Nature.*, 444,1027–1031, doi:10.1038/nature05414 (2006)
 - 19) Taniguchi, H., Tanisawa, K., Sun, X., et al.: Effects of short - term endurance exercise on gut microbiota in elderly men, *Physiol. Rep.*, 6,e13935, doi:10.14814/phy2.13935 (2018)
 - 20) 赤澤暢彦, 中村真理子, 星川雅子, 他 : 高強度トレーニングがコンディショニングおよび腸内細菌叢に及ぼす影響. 2019年スポーツに関する科学的・学術的・医学的研究に対する助成報告書, Published online 2019. Accessed December 6, 2022. https://corp.mizuno.com/sites/corp/files/2022-10/zaidan_josei_2010_2019_akazawa.pdf
 - 21) Park, J., Kato, K., Murakami, H., et al.: Comprehensive analysis of gut microbiota of a healthy population and covariates affecting microbial variation in two large Japanese cohorts, *BMC. Microbiol.*, 21,151, doi:10.1186/s12866-021-02215-0 (2021)
 - 22) Hosomi, K., Saito, M., Park, J., et al.: Oral administration of *Blautia wexlerae* ameliorates obesity and type 2 diabetes via metabolic remodeling of the gut microbiota, *Nat. Commun.*, 13,4477, doi:10.1038/s41467-022-32015-7 (2022)

Invited Review

Gut Microbiota and Sports Nutrition

Motohiko MIYACHI

Waseda University, Faculty of Sport Sciences

ABSTRACT

In humans, 100 to 3,000 types of gut microbiota numbering 100 to 1,000 trillion and weighing approximately 1.5 to 2 kg live in the intestine. Gut microbiota live symbiotically with each other and with the human host. Their main sources of nutrition are the nutrients contained in the diet ingested by the host : these microbiota are, in turn, responsible for the production of various metabolites. Gut microbiota convert non-degradable polysaccharides found in dietary fiber into fatty acids, thereby supplying the host with an energy source and playing a role in defense against infection by preventing pathogenic bacteria that have invaded the host from outside from proliferating within the gut. This helps to maintain homeostasis in the host. Imbalances among intestinal bacteria are thought to be related to the incidences of various diseases. In addition to research on diet and gut microbiota, research on exercise and gut microbiota has been actively conducted in recent years. For example, the gut microbiota of rugby players is more diverse than that of the general healthy population. Exercise training and athletic conditioning interventions have been suggested to alter the gut microbiota. Data on the intestinal microflora, obtained using defecation as an indicator, may be applicable to athletic training, conditioning, and health promotion. Future research is warranted on how to utilize information on gut microbiota in the field of sports nutritional science.

Keywords: exercise, diet, life-style, microbiota