九州大学学術情報リポジトリ
Kyushu University Institutional Repository

日本人と韓国人の口腔保健状態および口腔常在細菌叢の国際比較

松尾，和樹

https://doi.org/10.15017/1441163

出版情報：九州大学，2013，博士（歯学），課程博士
バージョン：
権利関係：全文ファイル公表済

区 分	甲　乙

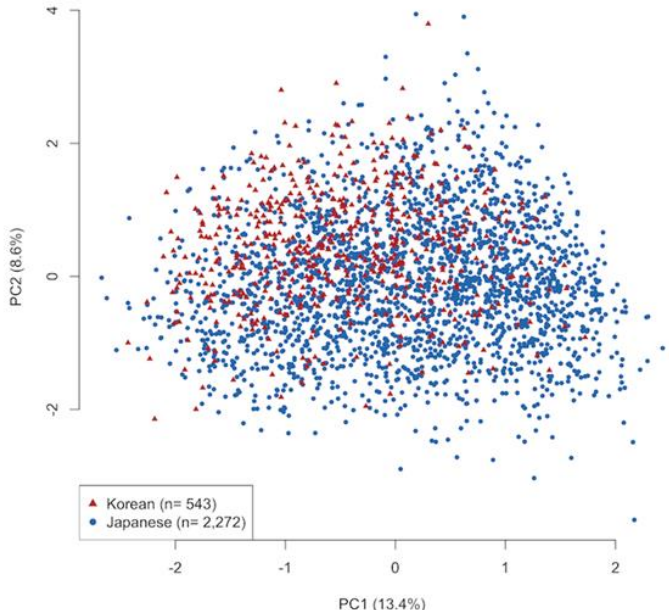
論 文 題 目　　日本人と韓国人の口腔保健状態および

口腔常在細菌叢の国際比較

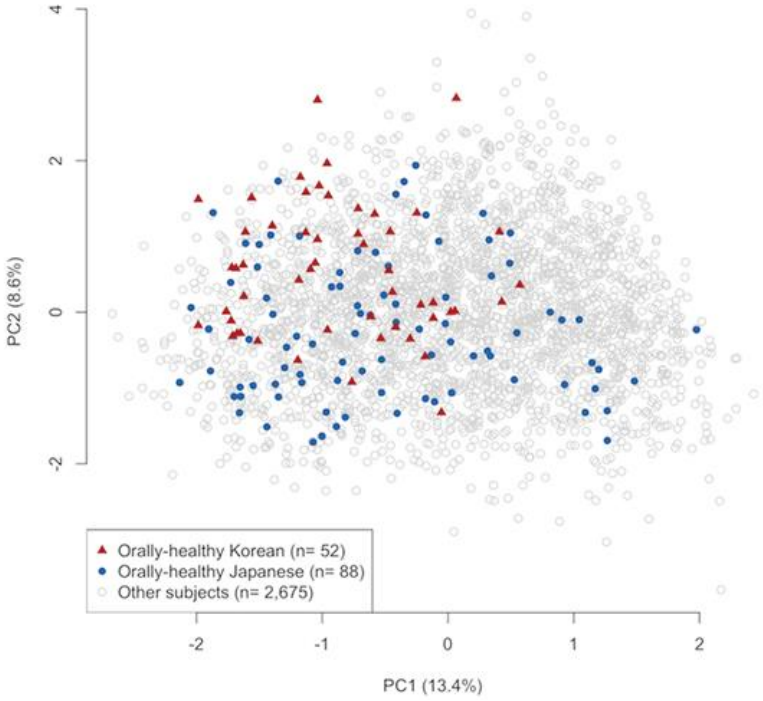
氏　名　　松尾　　和樹

論　文　内　容　の　要　旨

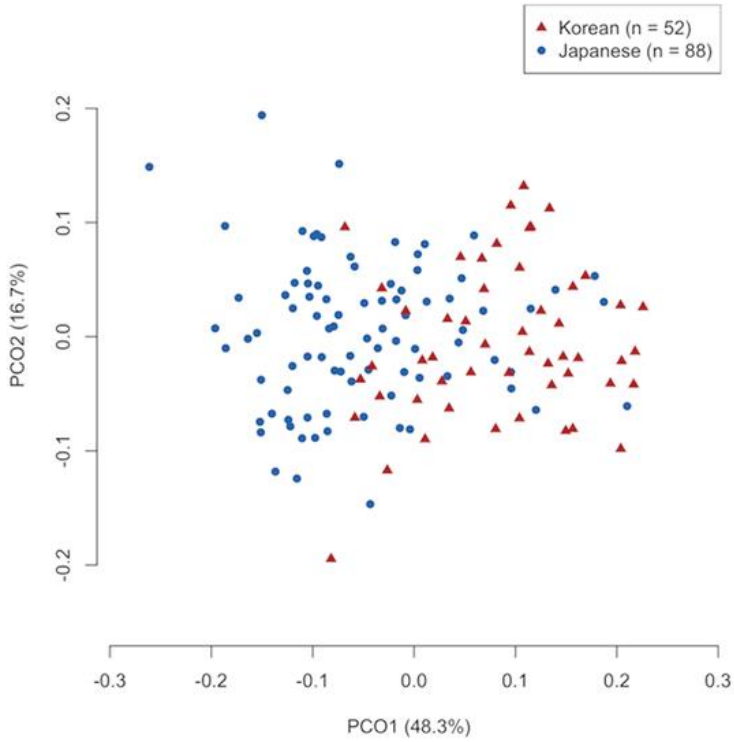
日本人と韓国人は遺伝的に極めて近縁であり、その社会的背景にも数多くの類似点が認められる。にもかかわらず両国の国家統計を比較してみると韓国人と比べ日本人は歯周炎罹患率が高かった。我々は口腔マイクロバイオームの構成が両国で異なっているのではないかと考え、福岡県久山町の住民 2272 名と京畿道楊平郡(韓国) の住民 543 名から唾液を採取し、16S rRNA 遺伝子を用いてその細菌構成の比較を行った。全被験者の検体をフィンガープリンティング法の一つである Terminal restriction fragment length polymorphism 法を用いて解析し、得られたピークパターンを比較してみるとその細菌構成が両集団で有意に異なっていることが示唆された。さらに歯周炎の症状が全く認められない者 140 名に限定し、Barcoded pyrosequencing 法を用いた詳細な解析を行った場合でも各細菌の構成比率には両集団で大きな違いが認められ、日本人の口腔マイクロバイオームでは *Neisseria* の割合が韓国人に比べ少なく、*Prevotella*、*Veillonella* をはじめとする 17 菌属がより優勢であった。我々は以前の研究で歯周炎患者の唾液では *Prevotella*、*Veillonella* がより高比率を占めていることを指摘している。歯周炎の症状の認められない日本人被験者において韓国人被験者との間に同様の違いが認められることは、口腔常在マイクロバイオームの構成の違いが日本人のより高い歯周炎罹患率の素因になっている可能性を示唆している。



全被験者 2,815 名の T-RFLP ピークパターンの類似度関係。主成分分析を行い、第一、第二主成分を両軸とした散布図として示した。両主成分によって全分散の 22.0%を表している。



バーコードパイロシーケンシング法を用いて解析を行った口腔の健康な被験者 140 名を異なる色のプロットで示した。



口腔の健康な被験者140名の細菌構成の類似度関係。140 名全ての組み合わせについて細菌群集類似度 weighted UniFrac を算出し、主座標分析を行い、第一、第二主座標を両軸とした散布図として示した。両主座標によって全分散の65.0%を表している。