

Tongue Microbiota Composition and Dental Caries Experience in Primary School Children

張, 代熙

<https://hdl.handle.net/2324/4496013>

出版情報 : Kyushu University, 2021, 博士 (歯学), 課程博士
バージョン :

権利関係 : (c) 2021 Zhang et al. This is an openaccess article distributed under the terms of the Creative Commons Attribution 4.0 International license.

氏 名	張 代熙			
論 文 名	Tongue Microbiota Composition and Dental Caries Experience in Primary School Children (小学生におけるう蝕経験と舌苔微生物叢の構成)			
論文調査委員	主 査	九州大学	教授	福本 敏
	副 査	九州大学	教授	前田 英史
	副 査	九州大学	教授	和田 尚久

論 文 審 査 の 結 果 の 要 旨

小児期における口腔細菌叢形成は、齲蝕や歯周疾患の発症メカニズムの理解や、これら疾患の予防法を考える上で極めて重要である。齲蝕の発生には *Streptococcus mutans* の母親からの伝搬が重要な要因であることが知られており、どの時期にどのような生活行動によって子へ移行するかが明らかとなっており、これらの知見は齲蝕予防に生かされてきた。またこれまで、プラーク中の口腔内細菌叢の形成に関する親から子への移行や、齲蝕等に及ぼす影響についての報告は多くなされているが、小児における舌細菌叢に関する調査研究は少ない。本研究では、小学生を対象とした舌細菌叢が齲蝕経験とどのように関連するかを目的とし、小学生（6-7歳および11-12歳）を対象に、次世代シーケンサーを用いた舌細菌叢の分布を検討している。

本研究は久山町の173名の小学生を対象とし、細菌叢の調査の前にDentocults SM stripを用いて唾液中のミュータンス菌レベルを検討している。舌細菌叢は、HydroFlockスワブを用いて舌背を5回スワブすることで採取している。また齲蝕数、処置歯数および口腔清掃状態の評価はDI-Sスコアを用いて評価している。舌細菌叢解析は、サンプルより抽出した細菌由来DNAから16S rRNA遺伝子の V1-2領域をPCR増幅し、次世代シーケンサーによるシーケンシングを行なっている。その後、得られた全配列を用いて97%以上の相同性を持つ配列ごとにOTU (Operational Taxonomic Unit) を作成し、各サンプル間の細菌叢の類似性を解析している。

その結果、小児の舌細菌叢は、FastSparを用いた共生ネットワーク解析において2つのグループに分類されることが明らかとなった。1つ目のグループは *Prevotella histicolla*, *Veionella paravula*, *Streptococcus salivarius*, *Prevotella pallens* や *Prevotella melaninogenica* で構成され、もう一方のグループは、*Neisseria subflava*, *Porphyromonas pasteri*, *Fusobacterium peridonticum*, *Haemophilus parainfluenzae* や *Streptococcus oralis* 群で構成されていた。主な結果として、後者の細菌叢グループでは、前者と比較して齲蝕経験が少ない傾向を示した。また同様の結果は、DI-S スコアやDentocults SMでも認められた。

これらの結果から、小児の舌細菌叢は齲蝕経験と関連性を有し、舌に付着する特定の細菌群が、齲蝕の発生に関与している可能性が示された。また舌細菌叢を用いた齲蝕リスクの評価や、適切な口腔内環境の維持のためには舌清掃も含めた舌細菌叢のコントロールが重要であることが示唆され、新たなう蝕予防法の開発につながる基礎知見となりうる可能性が示された。よって博士（歯学）の学位授与に値する。