

Butyrate as a Potential Driver of a Dysbiotic Shift of the Tongue Microbiota

陳, 柏蓉

<https://hdl.handle.net/2324/6787529>

出版情報 : Kyushu University, 2022, 博士 (歯学) , 課程博士
バージョン :

権利関係 : © 2022 Chen et al. This is an open access article distributed under the terms of the Creative Commons Attribution 4.0 International license.



氏 名 : 陳 柏蓉

論文名 : Butyrate as a Potential Driver of a Dysbiotic Shift of the Tongue Microbiota

(酪酸が舌微生物叢の細菌構成に与える影響の検討)

区 分 : 甲

論文内容の要旨

ヒトの舌背部には膨大な数の口腔微生物が安定な常在微生物叢を構築して生息している。この舌微生物叢の優占種は多くの人に共通である一方、各優占種の構成比率は人それぞれ異なる。本研究では唾液に含まれ口腔細菌の増殖への影響を及ぼすことが知られている酪酸に着目し、舌苔微生物叢の細菌構成との関連について検討を行った。まず69名の成人男性から採取した含嗽液に含まれる酪酸濃度を測定するとともに次世代シーケンサーを用いて16S rRNA遺伝子群を解読する網羅的細菌群集解析法により舌微生物叢の細菌構成を決定した。その結果、含嗽液に含まれる酪酸濃度の高い者では*Prevotella histicola*、*Veillonella atypica*、*Streptococcus parasanguinis*の構成比率が高く、*Neisseria subflava*および*Porphyromonas pasteri*の構成比率が低いことが示された。続いて異なる濃度(0、0.8、1.6、3.2 mM)の酪酸ナトリウムを添加したBasal medium containing mucin (BMM) 培地にて12名の成人から採取した舌苔微生物叢を培養し、舌常在微生物の増殖に酪酸が及ぼす影響を検証した。その結果、培養後の細菌構成に添加に伴う統計的に有意な差異を認め、培養後の細菌群集における*Neisseria subflava*の構成比率が減少することが示された。以上の結果から酪酸が部分的にはあるが舌苔微生物叢の構成バランスの悪化に寄与していることが示唆された。