

ふりがな氏名	もり しょうたろう 森 祥太郎
学位の種類	博士（歯学）
学位記番号	甲 第1002号
学位授与の日付	令和6年3月1日
学位授与の要件	学位規則第4条第1項に該当
学位論文題目	Longitudinal analysis of chronic periodontitis bacterial flora by next-generation sequencing (次世代シーケンサーを用いた慢性歯周炎細菌叢の経時解析)
学位論文掲載誌	Journal of Osaka Dental University 第58巻 第1号 令和6年4月
論文調査委員	主査 梅田 誠 教授 副査 馬場 俊輔 教授 副査 沖永 敏則 教授

論文内容要旨

慢性歯周炎は多因子性疾患であり、なかでも口腔細菌叢はその発症との関わりが大きいと考えられている。口腔内細菌叢の変化が歯肉炎症の惹起や歯槽骨の吸収に強く関連しているという報告はあるが、慢性歯周炎患者の経時的な口腔内細菌叢の変化について解析した報告は少ない。そこで本研究は、慢性歯周炎細菌叢の経時的変化について次世代シーケンサーを用いて解析することを目的とした。慢性歯周炎と診断された患者4名から、初診時および歯周基本治療終了時にそれぞれ該当部位の歯肉縁下プラークおよび唾液の採取を行った。サンプルから抽出したDNAを鋳型に16S rRNA遺伝子領域をPCRで増幅し、次世代シーケンサーMiSeq(Illumina社)を用いて塩基配列を解読し、QIIME2により細菌叢を決定した。被験者4人計18サンプルから *Streptococcus*, *Porphyromonas*, *Fusobacterium*, *Veillonella*, *Neisseria*, *Prevotella*, *Tannerella*, *Corynebacterium* 属等の細菌が検出された。 α 多様性 β 多様性については、プラーク・唾液の細菌叢において4人の被験者間の有意差がみられたが、治療前後で有意な変化は認められなかった。臨床的に治療効果があったサンプルに限ると、*Porphyromonas gingivalis*, *Fusobacterium nucleatum* が減少する傾向があった。

論文審査結果要旨

筆者はこの論文において、多因子性疾患であり、なかでも口腔細菌叢はその発症との関わりが大きいと考えられている慢性歯周炎において、口腔内細菌叢の変化が歯肉炎症の惹起や歯槽骨の吸収に強く

関連しているという報告はある中で、慢性歯周炎患者の経時的な口腔内細菌叢の変化について解析した報告は少ないことに着目した。

本研究は、慢性歯周炎細菌叢の治療前後の変化について次世代シーケンサーを用いて解析することを目的とし、慢性歯周炎と診断された患者 4 名から、初診時および歯周基本治療終了時にそれぞれ該当部位の歯肉縁下プラークおよび唾液の採取が行われた。サンプルから抽出した DNA を鋳型に 16S rRNA 遺伝子領域を PCR で増幅し、次世代シーケンサーを用いて塩基配列を解読し、QIIME 2 により細菌叢を決定した。被験者から口腔内細菌叢の中でも主要な *Streptococcus*, *Porphyromonas*, *Fusobacterium*, *Veillonella*, *Neisseria*, *Prevotella*, *Tannerella*, *Corynebacterium* 属等の細菌が認められた。

α 多様性 β 多様性については、プラーク・唾液の細菌叢において 4 人の被験者間の有意差がみられたが、治療前後で有意な変化は認められなかった。臨床的に治療効果があったサンプルに限ると、歯周病細菌として代表的な *Porphyromonas gingivalis*, *Fusobacterium nucleatum* が減少する傾向があった。

歯周炎患者の初診時の細菌叢を健康な口腔内細菌叢と比較し、その経時的変化を検討することは、歯周治療に有用な情報となり、他にも歯周病菌と血管疾患との相関関係が示されており、初診時に細菌叢を調べることで歯周病だけでなく全身疾患のリスクも検出できる可能性があることが示唆された。

以上の内容より、本論文は次世代シーケンサーを用いた慢性歯周炎細菌叢の経時解析に新知見を得た点において、博士（歯学）の学位を授与するに値すると判定した。