

図2 歯周ポケットプラークマイクロバイオーーム組成

(A) 次世代シーケンス解析で得られたデータから、両群の歯周ポケットマイクロバイオーームにおいて、高い割合で検出された13菌属を中心に組成を分析し評価した。

(B)

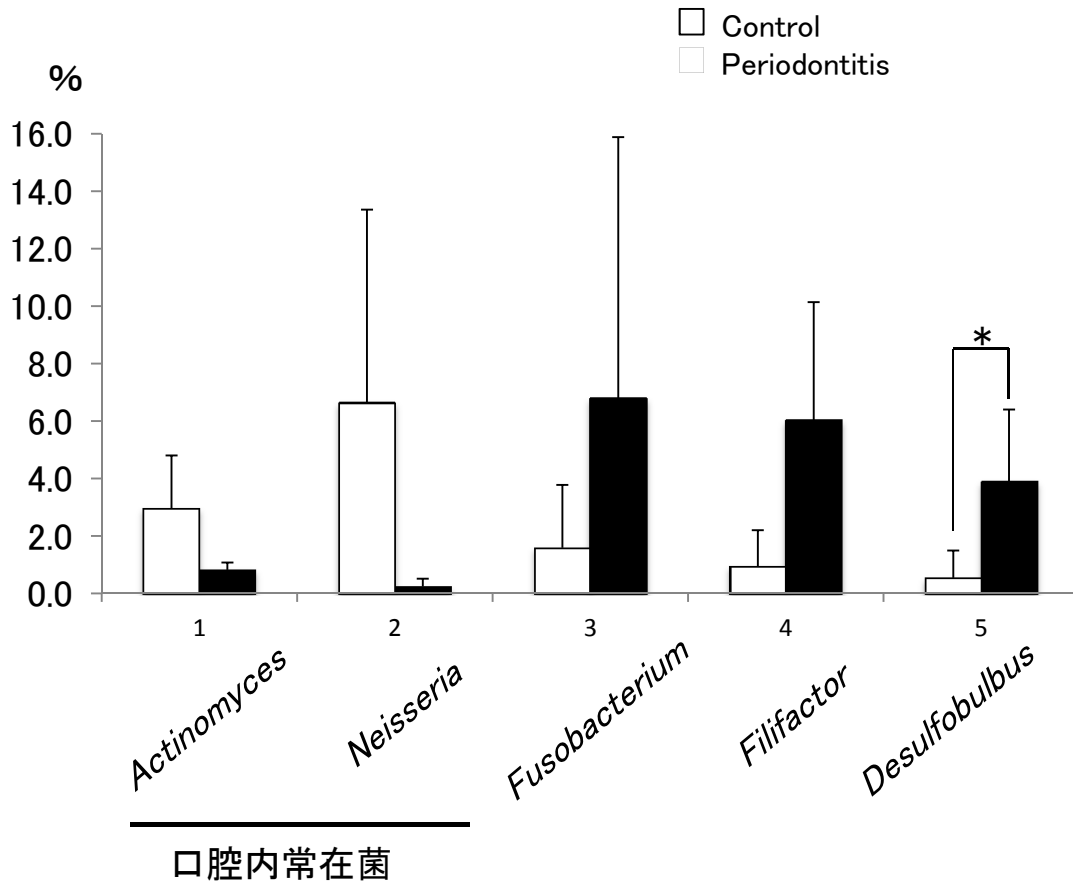


図2 歯周ポケットプラークマイクロバイオーーム組成

(B) 歯周ポケットプラークマイクロバイオーームにおいて、口腔常在菌を含めた割合の差異を評価した。

*: $p < 0.05$ Mann-Whitney U Test

なお、(A) (B) 共に各群4名ずつから得られた結果の平均値を示し、菌種においては属レベルで評価した。

(A)

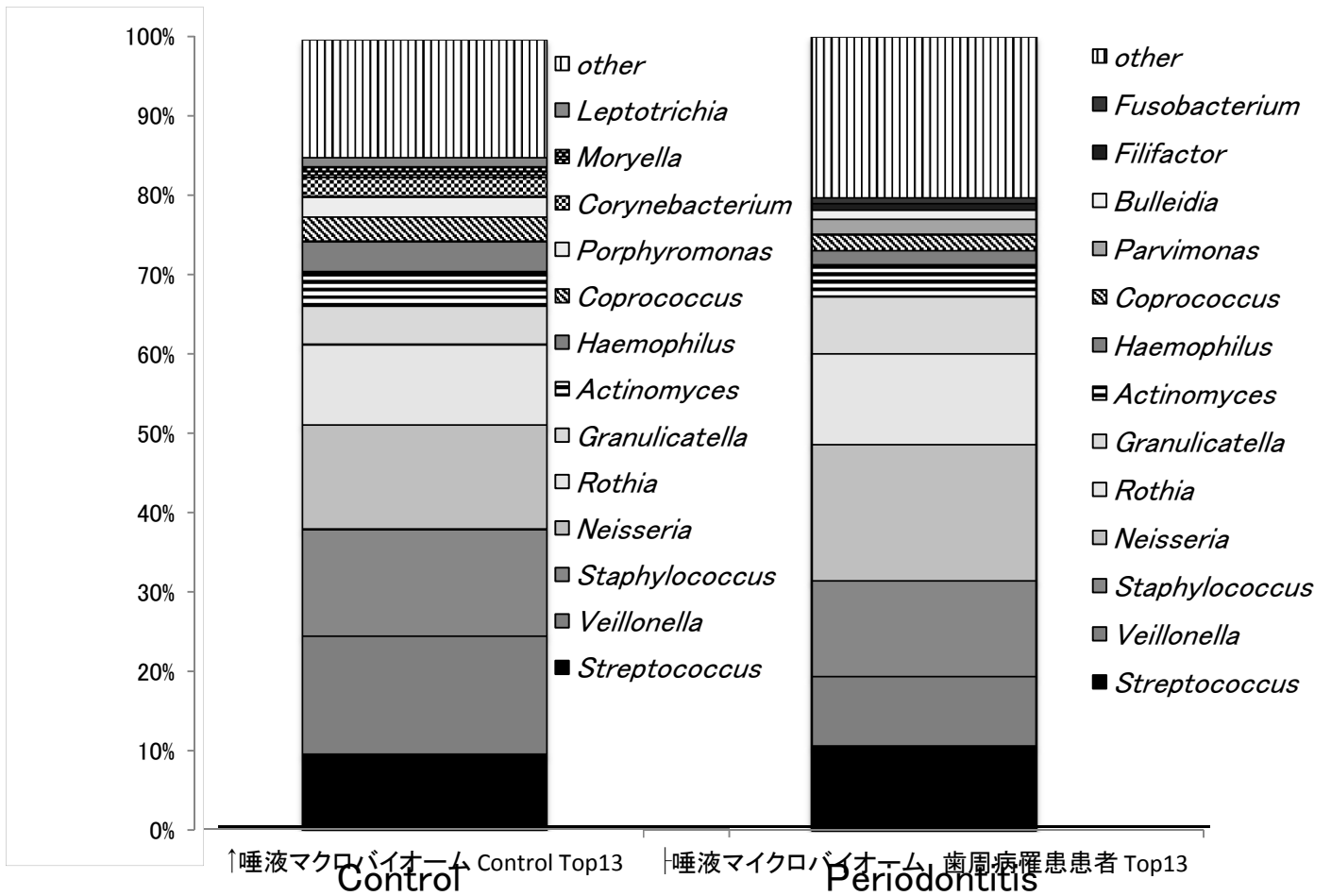


図3 舌表面唾液マイクロバイオーム組成

(A) 次世代シーケンス解析で得られたデータから、両群の舌表面唾液マイクロバイオームにおいて、高い割合で検出された13菌属を中心に組成を分析し評価した。

(B)

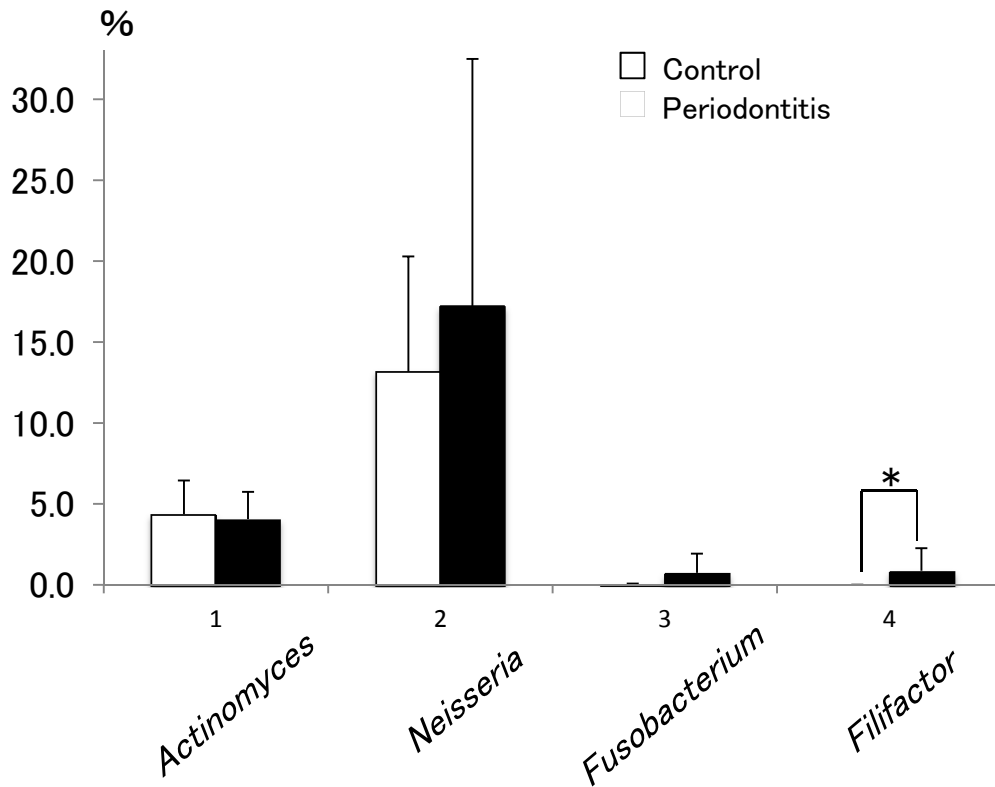


図3 舌表面唾液マイクロバイオーーム組成

(B)舌表面唾液プラークマイクロバイオーームにおいて、口腔常在菌を含めた割合の差異を評価した。

*:p < 0.05 Mann-Whitney U Test

なお、(A) (B)共に各群4名ずつから得られた結果の平均値を示し、菌種においては属レベルで評価した。

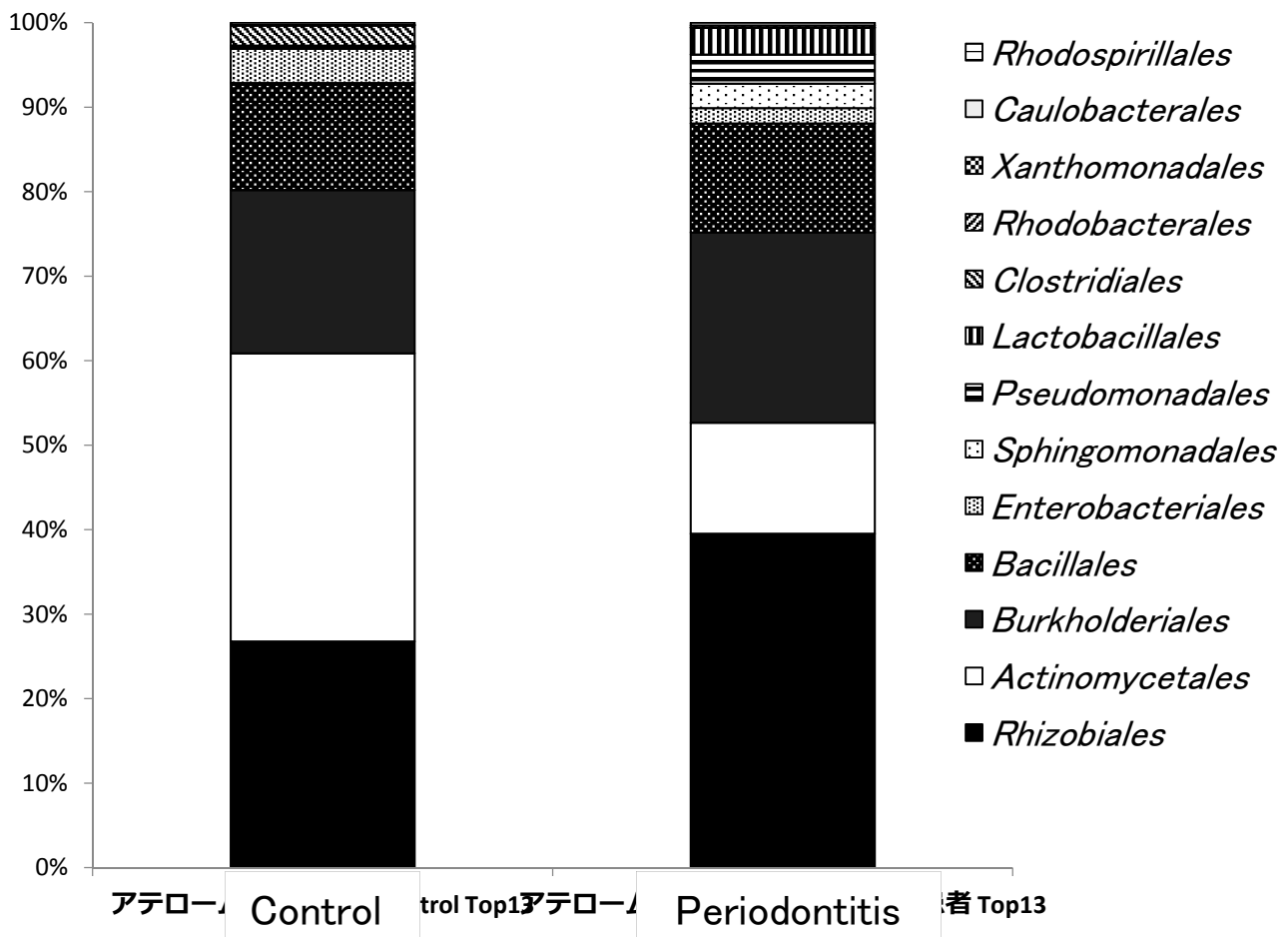


図4 アテローム性プラークマイクロバイオーーム組成

次世代シーケンス解析で得られたデータから、両群のアテローム性プラークマイクロバイオーームにおいて、高い割合で検出された13菌属を中心に組成を分析し評価した。また、本図は、両群4名ずつから得られた結果の平均値を示し菌種においては目レベルで評価した。

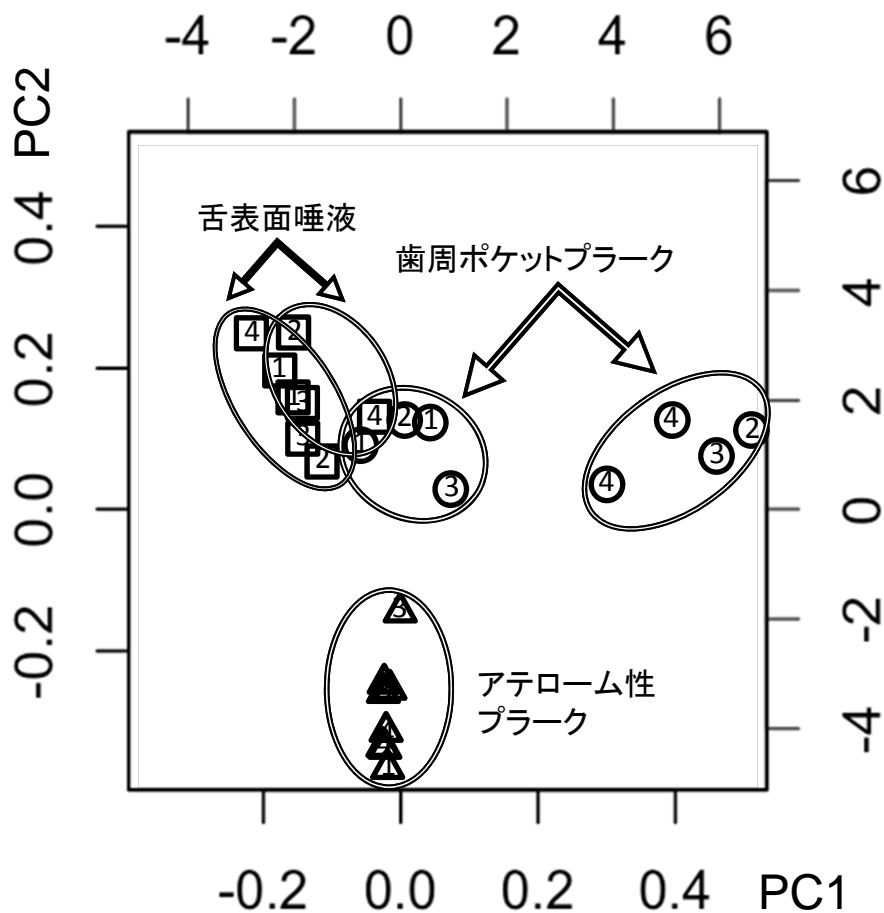


図5 主成分分析

次世代シーケンス解析で得られたデータから，統計分析ソフトR(Ver3.3.2)を使用し，両群の部位別におけるマイクロバイオームの差異を主成分分析図で評価した。

PC : Principal component

□は舌表面唾液，○は歯周ポケットプラーク，△はアテローム性プラークを示す。

青字はControl群4名を，赤字はPeriodontitis群4名を示し，数字は各群の患者を示す。

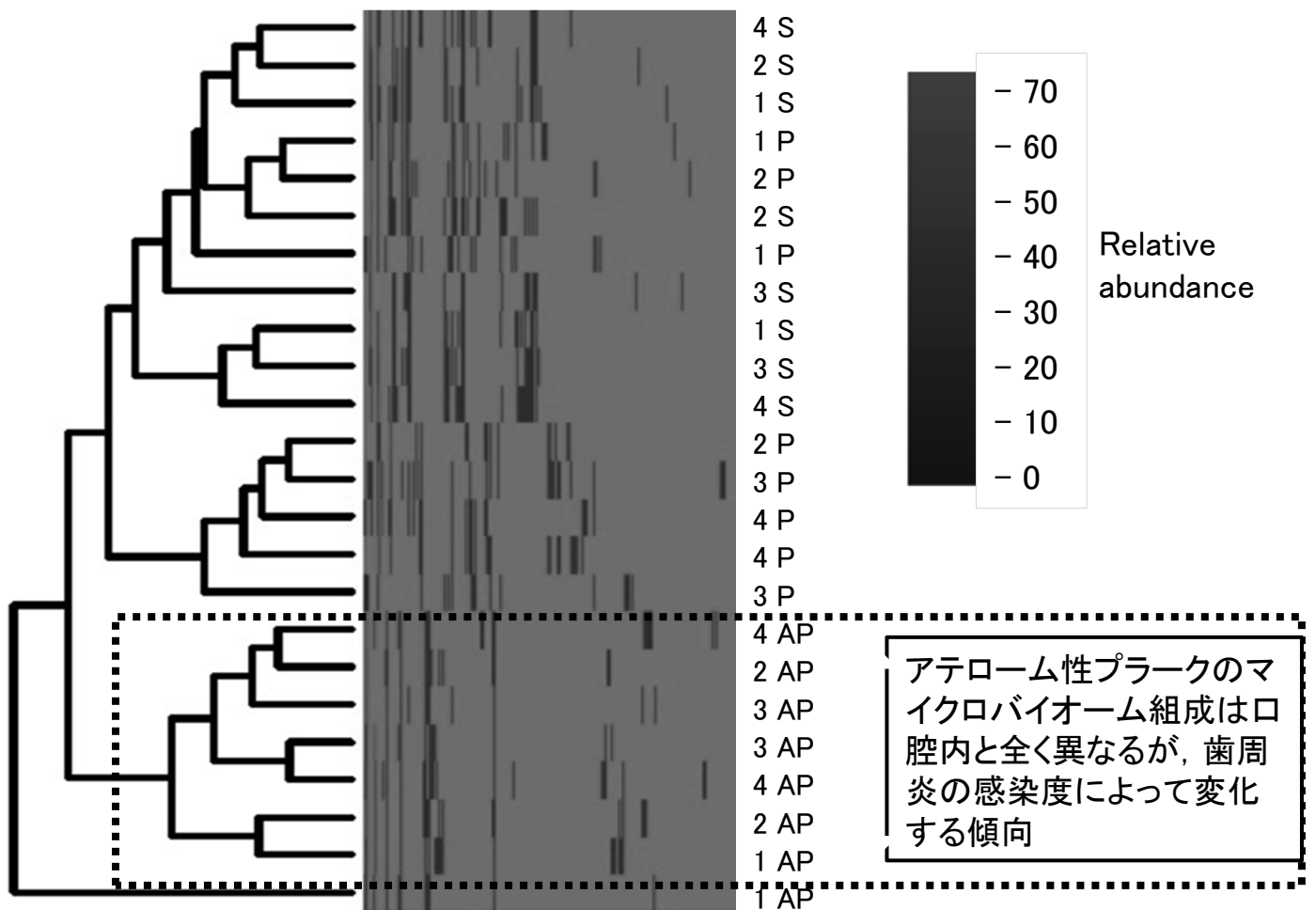


図6 クラスタ分析

次世代シーケンス解析で得られたデータから、統計分析ソフト R(Ver. 3.3.2) を使用し、両群の部位別におけるマイクロバイオームの差異をクラスタ分析図で評価した。

(S)は舌表面唾液、(P)は歯周ポケットプラーク、(AP)はアテローム性プラークを示す。

青字はControl群4名を、赤字はPeriodontitis群4名を示し、数字は各群の患者を示す。