

中文題目: 探討蒙古沙鼠感染幽門螺旋桿菌後之菌相分析

英文題目: To Analysis of the bacteriological characteristics of Helicobacter pylori infection in Mongolian gerbils

作者: 吳宗勳<sup>1,2</sup> 翁碧娟<sup>2</sup> 曾國綸<sup>2,3</sup> 鄭智尹<sup>2</sup> 劉忠榮<sup>2</sup> 郭昭宏<sup>2\*</sup>

服務單位: 衛生福利部屏東醫院 內科<sup>1</sup>

高雄醫學大學附設中和紀念醫院 胃腸內科<sup>2</sup>

高雄市立大同醫院 內科<sup>3</sup>

高雄醫學大學 醫學系<sup>4</sup>

**背景:** 世界衛生組織已在 1994 年將幽門螺旋桿菌定義為第一型人類致癌物，長期感染之後胃部黏膜的變化會由慢性胃炎、萎縮性胃炎漸漸進展為腸化生、異生，最後形成胃癌。由於相同的變化在長期受感染的蒙古沙鼠也得到證實，幽門螺旋桿菌在胃部的致癌角色已經相當確定。本研究主要在探討探討蒙古沙鼠感染幽門螺旋桿菌後之菌相分析。

**材料與方法:** 本研究使用本科實驗室所建立的動物感染幽門螺旋桿菌模型-胃炎及胃癌兩種模式所取得的老鼠糞便，針對細菌 16S rDNA 序列之高變區 (Variant region, V3-V4 區) 進行 NGS 定序，並分析胃炎及胃癌兩種模式間之菌相組成。主成分分析 (Principal component analysis, PCA)。

**結果:** 研究顯示，兩組樣品在菌群結構上存在顯著差異。另外，以監督式 LefSe 分析，加入了種屬間關係後，找出屬於兩種模式中具顯著差異的生物標誌 (Biomarker)，如胃瘤球菌屬 (Ruminococcus)。

**結論:** 基於動物模型驗證，利用生物資訊分析群落結構有效識別不同模式間的差異。本研究結果將有助於未來發展臨床檢測應用，期望能藉由分析糞便檢體菌相結構，提供臨床檢測及治療的參考，以減少侵入性檢查的風險並提升微生物檢測於預防醫學的重要性。