

內科部研究論文摘要

姓名	許國忠
論文集編號	6828
論文中文名稱	推斷細菌群落相互作用和功能與停經後台灣婦女的骨量減少和骨質疏鬆症有關
600-800 字中文通俗短文	<p>越來越多的證據表明，腸道微生物群及其代謝物與骨穩態和脆性有關。然而，這種關聯僅限於微生物分類學差異。本研究旨在探討腸道細菌群落關聯、組成和功能是否與骨質減少和骨質疏鬆症相關。我們通過 16S rRNA 測序結合網絡生物學和統計分析。這項研究的結果表明，骨質疏鬆症患者的 α 多樣性降低，其次是骨質減少患者，然後是健康對照組。分類學分析顯示，與健康受試者相比，在骨質疏鬆症和骨質減少患者中觀察到的細菌屬顯著豐富且豐度更高。此外，一個共現網絡表明，相比與健康對照組相比，骨質疏鬆症患者的細菌相互作用更高，其次是骨質減少症患者。此外，NetShift 分析表明，與骨質疏鬆症患者相比，更多的細菌推動了骨質疏鬆症患者微生物群落結構的變化。相關性分析表明，這些驅動細菌中的大多數與幾種重要的代謝途徑具有顯著的正相關關係。此外，排序分析表明高度和 T 值是影響腸道微生物群落結構的主要變量。總而言之，這項研究評估了微生物群落相互作用比分類學差異更重要，因為它了解腸道微生物群在與骨質減少和骨質疏鬆症相關的絕經後婦女中的關鍵作用。此外，顯著富集的細菌和功能通路可能是絕經後婦女預後和治療的潛在生物標誌物。患有骨質減少和骨質疏鬆症的女性。</p>
相關訊息已發表於	<p>Microorganisms 2023, 11, 234. https://doi.org/10.3390/microorganisms11020234</p>