

ความชุกของเชื้อก่อโรคปริทันต์ 3 สายพันธุ์และยีนที่สร้างปัจจัยความรุนแรง

Prevalence of Three Periodontal Pathogens and Virulence Factor Producing Genes

สาครรัตน์ คงขุนเทียน¹, ประกายมุกต์ สาหร่ายทอง², พรรณวดี พันธย์¹

¹สาขาวิชาปริทันตวิทยา ภาควิชาทันตกรรมบูรณะและปริทันตวิทยา คณะทันตแพทยศาสตร์ มหาวิทยาลัยเชียงใหม่

²ภาควิชาชีววิทยาและวัสดุศาสตร์ คณะทันตแพทยศาสตร์ มหาวิทยาลัยมิชิแกน สหรัฐอเมริกา

Sakornrat Khongkhunthian¹, Prakaimuk Saraithong², Panwadee Bandhaya¹

¹Section of Periodontology, Department of Restorative Dentistry and Periodontology, Faculty of Dentistry, Chiang Mai University

²Department of Biologic and Materials Sciences, University of Michigan School of Dentistry

บทคัดย่อ

วัตถุประสงค์ เพื่อศึกษาความชุกของเชื้อแบคทีเรียกรูเทอริแบคทีเรีย แอคทีโนมัยซีเทมโคมิแทนส์ ซีโรไทป์ต่างๆ เชื้อพอร์ไฟโรโมแนส จิงจิवालิส และเชื้อแทนเนอเรลลา พอร์ซัยเซีย รวมทั้งตรวจยีนที่กำหนดการสร้างปัจจัยความรุนแรงของเชื้อจากผู้ป่วยโรคปริทันต์อักเสบชนิดก้าวร้าว โรคปริทันต์อักเสบชนิดเรื้อรัง และโรคเหงือกอักเสบ

วิธีการศึกษา นำตัวอย่างคราบจุลินทรีย์ใต้เหงือกของผู้ป่วยโรคปริทันต์ทั้ง 3 กลุ่ม กลุ่มละ 20 คน มาตรวจหาเชื้อและยีนที่กำหนดการสร้างปัจจัยความรุนแรงของเชื้อด้วยวิธีพีซีอาร์แบบพื้นฐาน วิธีเนสเตทพีซีอาร์ และวิธีมัลติเพล็กซ์พีซีอาร์

ผลการศึกษา ตรวจพบเชื้อแบคทีเรียกรูเทอริแบคทีเรีย แอคทีโนมัยซีเทมโคมิแทนส์ได้มากที่สุดในกลุ่มผู้ป่วยโรคปริทันต์อักเสบชนิดก้าวร้าวอย่างมีนัยสำคัญ โดยพบซีโรไทป์ซีมากที่สุด เมื่อเรียงลำดับผู้ป่วยตามกลุ่มโรคได้แก่ ผู้ป่วยโรคปริทันต์อักเสบชนิดก้าวร้าว โรคปริทันต์อักเสบชนิดเรื้อรัง และโรคเหงือกอักเสบ ตรวจพบยีนที่มีการสร้างไซโตสแตติกสเทินดิงท์ออกซิน (ซีดีทียีน) ครบทั้ง 3 ยีน (เอ บี และซี) ใน ได้ร้อยละ 56.3, 50 และ 44.4 ตามลำดับ สำหรับเชื้อพอร์ไฟโรโมแนส จิงจิवालิสพบว่ามี ความชุกร้อยละ 85, 75 และ 85 ตามลำดับ โดยมียีนที่กำหนดการสร้างพิมเบเรีย (พิมเอยีน) ร่วมกับยีนที่กำหนดการสร้าง เอนไซม์คอลลาจีเนส (พีอาร์ทีซียีน) ร้อยละ 58.8, 80 และ 52.9 ตามลำดับ ส่วนเชื้อแทนเนอเรลลา พอร์ซัยเซียพบว่ามี ความชุกสูงในทุกกลุ่มตัวอย่างคือร้อยละ 100, 100 และ 90 ตามลำดับ โดยพบยีนที่กำหนดการสร้างเอนไซม์ซิสเทอีน โปรติเอส (พีอาร์ทีเอซียีน) ร้อยละ 90, 80 และ 72.2 ตามลำดับ

สรุป ตรวจพบความชุกของเชื้อก่อโรคปริทันต์ทั้ง 3 ชนิดในผู้ป่วยทุกกลุ่ม พบเชื้อแบคทีเรียกรูเทอริแบคทีเรีย แอคทีโนมัยซีเทม-

โคมิแทนส์อย่างมีนัยสำคัญในกลุ่มผู้ป่วยโรคปริทันต์อักเสบชนิดก้าวร้าว โดยเฉพาะซีโรไทป์ซี ส่วนอื่นที่กำหนดการสร้างปัจจัยความรุนแรง พบซีดีทีอีอินและพีอาร์ทีเอชอีอินในกลุ่มผู้ป่วยโรคปริทันต์อักเสบชนิดก้าวร้าวมากที่สุด ในขณะที่พบฟิมเออินและพีอาร์ทีซีอีอินในกลุ่มผู้ป่วยโรคปริทันต์อักเสบชนิดเรื้อรังมากที่สุด อย่างไรก็ตามไม่พบความแตกต่างระหว่างกลุ่มอย่างมีนัยสำคัญทางสถิติ

คำสำคัญ แบคทีเรียก่อโรคปริทันต์ โรคปริทันต์อักเสบ ยีนกำหนดการสร้างปัจจัยความรุนแรง ซีดีทีอีอิน พีอาร์ทีเอชอีอิน ฟิมเออิน พีอาร์ทีซีอีอิน

Abstract

Aims: To study prevalence of 3 periodontal pathogens, including *Aggregatibacter actinomycetemcomitans* (*Aa*), *Porphyromonas gingivalis* (*Pg*), and *Tannerell forsythia* (*Tf*), and their virulence factor producing genes in patients with aggressive periodontitis (AP), chronic periodontitis (CP), and gingivitis (G).

Material and Methods: Subgingival plaque samples were collected from patients with AP, CP, and G (20 each group). The samples were analyzed for the pathogens and their virulence factors producing genes by polymerase chain reaction, nested polymerase chain reaction, and multiplex polymerase chain reaction techniques.

Results: Prevalence of *Aa* was significantly higher in AP and *Aa* serotype c was the most detected serotype. Categorized by periodontal status; AP, CP and G, the percentage of cytolethal distending toxin gene (CDT gene) a, b, and c detected simultaneously in each periodontal status were 56.3, 50, and 44.4 respectively. The percentage of subjects with *Pg* in each periodontal status was 85, 75, and 85 and frimbria producing gene (*fimA* gene) detection together with collagenase enzyme producing gene (*prtC* gene) was 58.2, 80, and 52.9 respectively. *Tf* was the highest prevalence bacteria of all periodontal status detected in this study with the percentage of 100, 100, and 90 while cysteine protease enzyme producing gene (*prtH* gene) of *Tf* was 90, 80, and 72.2 respectively.

Conclusion: Three periodontal pathogens were found in all groups of subjects. *Aa* was significantly found in patients with AP especially serotype c. For virulence factor producing genes, CDT gene and *prtH* gene were predominant in AP whereas *fimA* gene and *prtC* gene were mostly detected in CP. However, no significant differences were found between groups.

Keywords: Periodontal pathogen, periodontitis, virulence factor producing gene, CDT gene, *prtH* gene, *prtC* gene, *fimA* gene