

บทคัดย่อ

การตรวจหาเชื้อแอกกรีเกรทิแบคเตอร์ แอคทีโนมัยซีเทมโคมิแทนส์ พอร์ไฟโรโมแนส จิงจิवालิส
แทนเนอเรลลา ฟอร์ซัยเรีย และยืนยันกำหนดการสร้างปัจจัยความรุนแรงต่างๆ ในผู้ป่วยโรคปริทันต์อักเสบ

พรรณวดี พันธุ์¹ สาครรัตน์กงขุนเทียน¹ ประกายมุกด์ สหราชทอง²

¹ ภาควิชาทันตกรรมบูรณะและปริทันตวิทยา คณะทันตแพทยศาสตร์ มหาวิทยาลัยเชียงใหม่

² นักศึกษาระดับปริญญาเอก คณะวิทยาศาสตร์ มหาวิทยาลัยเชียงใหม่

242808

การศึกษานี้มีวัตถุประสงค์ในการตรวจหาเชื้อแอกกรีเกรทิแบคเตอร์ แอคทีโนมัยซีเทมโคมิแทนส์ พอร์ไฟโรโมแนส จิงจิवालิส และแทนเนอเรลลา ฟอร์ซัยเรีย รวมทั้งยืนยันกำหนดการสร้างปัจจัยความรุนแรงในตัวอย่างจาก ผู้ป่วยโรคปริทันต์อักเสบชนิดรุกราน 20 คน ผู้ป่วยโรคปริทันต์อักเสบชนิดเรื้อรัง 20 คน และผู้ป่วยโรคเหงือกอักเสบ 20 คน โดยการนำราบจุลินทรีย์ได้เหงือกมาตรวจหาเชื้อและยืนยันกำหนดการสร้างปัจจัยความรุนแรงของเชื้อด้วยวิธีปฏิกิริยาลูกโซ่โพลีเมอเรสแบบพื้นฐาน วิธีปฏิกิริยาลูกโซ่โพลีเมอเรสแบบเนสเต็ท และวิธีปฏิกิริยาลูกโซ่โพลีเมอเรสแบบมัลติเพล็กซ์ ผลการศึกษาพบว่าสามารถตรวจพบเชื้อแอกกรีเกรทิแบคเตอร์ แอคทีโนมัยซีเทมโคมิแทนส์ในผู้ป่วยโรคปริทันต์อักเสบชนิดรุกราน ผู้ป่วยโรคปริทันต์อักเสบชนิดเรื้อรัง และผู้ป่วยโรคเหงือกอักเสบได้ร้อยละ 80, 40 และ 45 ตามลำดับ ส่วนยืนยันกำหนดการสร้างไซโตลิติกดีสเทนดิงทีออกซิน (*cdt* ยีน) ของเชื้อนี้ สามารถตรวจพบ *cdt* ยีนครบทั้ง 3 ยีนได้ร้อยละ 56.25, 50 และ 44.44 ตามลำดับ สำหรับเชื้อพอร์ไฟโรโมแนส จิงจิवालิสพบที่มีความชุกค่อนข้างสูงใกล้เคียงกันในทุกตัวอย่างทั้งสามกลุ่ม คือพบร้อยละ 85, 75 และ 85 ตามลำดับ นอกจากนั้นยังตรวจพบยีนกำหนดการสร้างฟิมเบรีย (*fimA* ยีน) ร่วมกับยีนที่กำหนดการสร้างเอนไซม์คอลลาจิเนส (*prtC* ยีน) ได้ร้อยละ 58.82, 80 และ 52.94 ตามลำดับ ส่วนเชื้อแทนเนอเรลลา ฟอร์ซัยเรียพบที่มีความชุกสูงในทุกกลุ่มตัวอย่างคือร้อยละ 100, 100 และ 90 ตามลำดับ โดยพบยีนกำหนดการสร้างเอนไซม์ซิสเทอีน โปรติเอส (*prtH* ยีน) ของเชื้อนี้ร้อยละ 90, 80 และ 72.22 ตามลำดับ นอกจากนั้นยังพบความแตกต่างอย่างมีนัยสำคัญทางสถิติระหว่างกลุ่มตัวอย่างเฉพาะความชุกของเชื้อแอกกรีเกรทิแบคเตอร์ แอคทีโนมัยซีเทมโคมิแทนส์เท่านั้น (P value < 0.05) การศึกษานี้สรุปว่าสามารถตรวจพบความชุกของเชื้อแอกกรีเกรทิแบคเตอร์ แอคทีโนมัยซีเทมโคมิแทนส์ได้สูงในผู้ป่วยโรคปริทันต์อักเสบชนิดรุกรานอย่างมีนัยสำคัญทางสถิติ ในขณะที่พบความชุกของเชื้ออีกสองชนิดได้สูงใกล้เคียงกันในทุกกลุ่มตัวอย่าง ส่วนยีนที่กำหนดการสร้างปัจจัยความรุนแรงของเชื้อแต่ละชนิดนั้น ประมาณครึ่งหนึ่งของตัวอย่างที่มีเชื้อแอกกรีเกรทิแบคเตอร์ แอคทีโนมัยซีเทมโคมิแทนส์มี *cdt* ยีนทั้งสามยีน ในขณะที่ตัวอย่างที่มีเชื้อพอร์ไฟโรโมแนส จิงจิवालิสมักเป็นชนิดที่มี *fimA* ยีน และ *prtC* ยีนร่วมกัน ส่วนตัวอย่างที่มีเชื้อแทนเนอเรลลา ฟอร์ซัยเรียพบว่ามี *prtH* ยีนสูงในตัวอย่างจากผู้ป่วยโรคปริทันต์อักเสบชนิดรุกรานและชนิดเรื้อรังมากกว่าโรคเหงือกอักเสบ

Abstract

Detection of *Aggregatibacter actinomycetemcomitans*, *Porphyromonas gingivalis*, *Tannerella forsythia* and their virulence genes in patients with periodontal diseases

Panwadee Bandhaya¹ Sakornrat Khongkhuntian¹ Prakaimuk Saraithong²

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

² Ph.D. student, Faculty of Science, Chiang Mai University

212808

Aim of the study was to detect *Aggregatibacter actinomycetemcomitans*, *Porphyromonas gingivalis* and *Tannerella forsythia*, and virulence genes from various types of periodontal disease. Twenty subgingival plaque samples from each patient's group, including aggressive periodontitis, chronic periodontitis, and gingivitis were analyzed by conventional PCR, nested PCR, and multiplex PCR. The results revealed that *A. actinomycetemcomitans* was detected at 80, 40, and 45% from each group, respectively. All three *Cdt* genes which encoded cytolethal distending toxin of this pathogen were detected at 56.25, 50, and 44.44% respectively. For *P. gingivalis*, the high prevalence of 85, 75, and 85% were found from each group. Virulence genes, *fimA* gene and *prtC* gene, which encoded fimbriae and collagenase productions, were also detected at 58.82, 80, and 52.94% respectively. The highest prevalence was reported for *Tannerella forsythia* in all groups with 100, 100, and 90% respectively. The virulence gene which encoded cysteine protease production, *prth* gene, was detected at 90, 80, and 72.22% respectively. Furthermore, the significant difference between groups was found in *A. actinomycetemcomitans*. (P value < 0.05) It was concluded that the prevalence of *A. actinomycetemcomitans* was significantly found in aggressive periodontitis, whereas the prevalence of the other two pathogens were high in all groups. For the detection of virulence genes, about a half of *A. actinomycetemcomitans*-positive samples exhibited all 3 *Cdt* genes, whereas *P. gingivalis*-positive samples were mostly found both *fimA* and *prtC* genes. For the *T. forsythia*-positive samples, *prth* gene was higher in aggressive and chronic periodontitis than in gingivitis group.