

[文章编号] 1000-1182(2007)03-0237-05

·临床研究·

成人牙周健康状况与fimA基因型 牙龈卟啉单胞菌的相关性

赵 蕾¹, 吴亚菲², 杨 禾², 孟 姝¹, 欧阳玉玲¹

(1.口腔生物医学工程教育部重点实验室, 四川大学; 2.四川大学华西口腔医院 牙周科, 四川 成都 610041)

[摘要] 目的 分析不同fimA基因型牙龈卟啉单胞菌(*P.gingivalis*)在牙周健康人群和慢性牙周炎人群中的分布, 探讨不同fimA基因型*P.gingivalis*与成人牙周状况的相关关系。方法 收集牙周健康组(136例)和慢性牙周炎组(115例)的龈下菌斑样本, 采用16S rRNA PCR法检测*P.gingivalis*, 并根据各fimA基因型(a 和 b)的特异性引物检测不同fimA基因型*P.gingivalis*菌株的分布, 计算OR值和95%可信区间。结果 牙周健康组和慢性牙周炎组龈下菌斑样本中*P.gingivalis*阳性率分别为22.1%和81.7%, 多数样本中只检测到1种fimA基因型。牙周健康组中 fimA型的检出率最高(占66.7%); 慢性牙周炎组中则为 fimA基因型(占43.6%), 其次为 a 和 b fimA基因型。慢性牙周炎的发生与*P.gingivalis*的关系密切(OR=16.36), a、b、c、d、e、f、g、h、i、j、k、l、m、n、o、p、q、r、s、t、u、v、w、x、y、z、aa、ab、ac、ad、ae、af、ag、ah、ai、aj、ak、al、am、an、ao、ap、aq、ar、as、at、au、av、aw、ax、ay、az、ba、bb、bc、bd、be、bf、bg、bh、bi、bj、bk、bl、bm、bn、bo、bp、bq、br、bs、bt、bu、bv、bw、bx、by、bz、ca、cb、cc、cd、ce、cf、cg、ch、ci、cj、ck、cl、cm、cn、co、cp、cq、cr、cs、ct、cu、cv、cw、cx、cy、cz、da、db、dc、dd、de、df、dg、dh、di、dj、dk、dl、dm、dn、do、dp、dq、dr、ds、dt、du、dv、dw、dx、dy、dz、ea、eb、ec、ed、ee、ef、eg、eh、ei、ej、ek、el、em、en、eo、ep、eq、er、es、et、eu、ev、ew、ex、ey、ez、fa、fb、fc、fd、fe、ff、fg、fh、fi、fj、fk、fl、fm、fn、fo、fp、fq、fr、fs、ft、fu、fv、fw、fx、fy、fz、ga、gb、gc、gd、ge、gf、gg、gh、gi、gj、gk、gl、gm、gn、go、gp、gq、gr、gs、gt、gu、gv、gw、gx、gy、gz、ha、hb、hc、hd、he、hf、hg、hh、hi、hj、hk、hl、hm、hn、ho、hp、hq、hr、hs、ht、hu、hv、hw、hx、hy、hz、ia、ib、ic、id、ie、if、ig、ih、ii、ij、ik、il、im、in、io、ip、iq、ir、is、it、iu、iv、iw、ix、iy、iz、ja、jb、jc、jd、je、jf、jg、jh、ji、jj、jk、jl、jm、jn、jo、jp、jq、jr、js、jt、ju、jv、jw、jx、jy、jz、ka、kb、kc、kd、ke、kf、kg、kh、ki、kj、kk、kl、km、kn、ko、kp、kq、kr、ks、kt、ku、kv、kw、kx、ky、kz、la、lb、lc、ld、le、lf、lg、lh、li、lj、lk、ll、lm、ln、lo、lp、lq、lr、ls、lt、lu、lv、lw、lx、ly、lz、ma、mb、mc、md、me、mf、mg、mh、mi、mj、mk、ml、mm、mn、mo、mp、mq、mr、ms、mt、mu、mv、mw、mx、my、mz、na、nb、nc、nd、ne、nf、ng、nh、ni、nj、nk、nl、nm、nn、no、np、nq、nr、ns、nt、nu、nv、nw、nx、ny、nz、oa、ob、oc、od、oe、of、og、oh、oi、oj、ok、ol、om、on、oo、op、oq、or、os、ot、ou、ov、ow、ox、oy、oz、pa、pb、pc、pd、pe、pf、pg、ph、pi、pj、pk、pl、pm、pn、po、pp、pq、pr、ps、pt、pu、pv、pw、px、py、pz、qa、qb、qc、qd、qe、qf、qg、qh、qi、qj、qk、ql、qm、qn、qo、qp、qq、qr、qs、qt、qu、qv、qw、qx、qy、qz、ra、rb、rc、rd、re、rf、rg、rh、ri、rj、rk、rl、rm、rn、ro、rp、rq、rr、rs、rt、ru、rv、rw、rx、ry、rz、sa、sb、sc、sd、se、sf、sg、sh、si、sj、sk、sl、sm、sn、so、sp、sq、sr、ss、st、su、sv、sw、sx、sy、sz、ta、tb、tc、td、te、tf、tg、th、ti、tj、tk、tl、tm、tn、to、tp、tq、tr、ts、tt、tu、tv、tw、tx、ty、tz、ua、ub、uc、ud、ue、uf、ug、uh、ui、uj、uk、ul、um、un、uo、up、uq、ur、us、ut、uu、uv、uw、ux、uy、uz、va、vb、vc、vd、ve、vf、vg、vh、vi、vj、vk、vl、vm、vn、vo、vp、vq、vr、vs、vt、vu、vv、vw、vx、vy、vz、wa、wb、wc、wd、we、wf、wg、wh、wi、wj、wk、wl、wm、wn、wo、wp、wq、wr、ws、wt、wu、wv、ww、wx、wy、wz、xa、xb、xc、xd、xe、xf、xg、xh、xi、xj、xk、xl、xm、xn、xo、xp、xq、xr、xs、xt、xu、xv、xw、xx、xy、xz、ya、yb、yc、yd、ye、yf、yg、yh、yi、yj、yk、yl、ym、yn、yo、yp、yq、yr、ys、yt、yu、yv、yw、yx、yy、yz、za、zb、zc、zd、ze、zf、zg、zh、zi、zj、zk、zl、zm、zn、zo、zp、zq、zr、zs、zt、zu、zv、zw、zx、zy、zz。

[关键词] 牙龈卟啉单胞菌; 基因型; fimA基因; 牙周炎

[中图分类号] R781.4 **[文献标识码]** A

Prevalence of fimA Genotypes of *Porphyromonas gingivalis* and Periodontal Health Status ZHAO Lei¹, WU Ya-fei², YANG He², MENG Shu¹, OU-YANG Yu-ling¹. (1. Key. Laboratory of Oral Biomedical Engineering of Ministry of Education, Sichuan University, Chengdu 610041, China; 2. Dept. of Periodontology, West China College of Stomatology, Sichuan University, Chengdu 610041, China)

[Abstract] Objective To detect the distribution of fimA genotype of *P.gingivalis* in periodontally healthy adults and chronic periodontitis patients, and to investigate the relationship between the prevalence of fimA genotype of *P.gingivalis* and periodontal health status. Methods Subgingival plaque samples were collected from 136 periodontally healthy adults and 115 chronic periodontitis patients. The occurrence of *P.gingivalis* was determined by *P.gingivalis* 16S rRNA PCR. Distribution of fimA genotype was assessed in *P.gingivalis* positive samples by PCR using primers pairs homologous to the different fimA genes. Results *P.gingivalis* was detected in 22.1% of the healthy subjects and 81.7% of chronic periodontitis patients. A single fimA genotype was detected in most subgingival plaque samples. In *P.gingivalis*-positive healthy adults, the most prevalent fimA genotype of *P.gingivalis* was type fimA. In contrast, a majority of chronic periodontitis patients carried type fimA, followed by fimA and b fimA. The univariate analysis illustrated that chronic periodontitis was associated with occurrences of type fimA(OR=0.97), b(OR=13.26), c(OR=36.62), d(OR=4.57), e(OR=22.86), and f(OR=1.19). Conclusion fimA genotype of *P.gingivalis* followed by a and b were an important virulence factor that may account for the pathogenesis of chronic periodontitis, suggesting an increased pathogenic potential of these types.

[Key words] *Porphyromonas gingivalis*; genotype; fimA gene; periodontitis

牙龈卟啉单胞菌(*Porphyromonas gingivalis*, *P.gingivalis*)是目前公认的慢性牙周炎的主要致病菌之一^[1], 不仅广泛存在于慢性牙周炎患者的龈下菌斑

中, 部分牙周健康者也可检出^[2]。不同*P.gingivalis*菌株的致病性存在差异, 基因的遗传多态性是不同菌株间致病性差异的物质基础^[3]。菌毛(fimbriae)是*P.gingivalis*重要的毒力因子^[4]。fimA基因是菌毛主要亚基菌毛素(fimbrillin)的编码基因, 根据fimA基因开放阅读框架核苷酸序列的差异可将*P.gingivalis*分为6型(a型和b亚型)^[5]。有研究发现^[5] i

[收稿日期] 2006-12-12; [修回日期] 2007-03-01

[基金项目] 国家自然科学基金资助项目(30471890)

[作者简介] 赵 蕾(1978-), 女, 陕西人, 博士

givalis特异性fimA基因型菌株的分布与人群牙周状况明显相关。本课题组^[9]已经对中国慢性牙周炎人群中 ~ fimA基因型P.gingivalis的分布做过研究,在此基础上,本研究采用聚合酶链反应(polymerase chain reaction, PCR)法检测中国牙周健康人群和慢性牙周炎人群中 ~ 和 b fimA基因型P.gingivalis菌株的分布情况,并对不同fimA基因型P.gingivalis与成人慢性牙周炎的相关性进行分析。

1 材料和方法

1.1 研究对象的选择

在全国第3次口腔流行病学调查的基础上,采用多阶段分层等容量随机抽查的方法,随机抽取四川省成都市4个社区内的汉族人群进行检查,筛选出牙周健康组136例,其中男性44例,年龄25~74岁,平均(44.3±10.6)岁;女性92例,年龄25~75岁,平均(42.4±11.3)岁。要求全身健康、无系统性疾病;3个月内无抗生素和非甾体类抗炎药服用史;妇女无妊娠;口腔卫生情况良好;口内天然牙不少于20颗,其中至少有4颗磨牙,全口余牙探诊深度(probing depth, PD)均小于3 mm、临床附着丧失(clinical attachment loss, CAL)均小于1 mm,无明显牙龈红肿或退缩,所有位点探诊出血均为阴性;口腔内无黏膜病损;知情同意,愿意参加。

于四川大学华西口腔医院牙周科就诊的患者中选择慢性牙周炎组115例,均为汉族,男性67例,年龄25~74岁,平均(47.9±11.8)岁;女性48例,年龄26~75岁,平均(44.5±12.4)岁。慢性牙周炎的诊断标准采用Armitage新分类法^[10]。所有患者要求全身健康、无系统性疾病;妇女无妊娠;3个月内无抗菌药物和非甾体类抗炎药服用史;3个月内无牙周病治疗史;口腔内天然牙不少于16颗,其中至少有4颗磨牙,磨牙中至少有1个位点PD ≥ 4 mm;口腔内无黏膜病损;知情同意,愿意参加本研究。

1.2 菌斑样本的采集和DNA的提取

牙周健康组选择受试者上颌第一磨牙颊侧近中位点取样;慢性牙周炎组选择患者口内磨牙牙周袋最深的位点取样。用无菌刮匙去除龈上菌斑,无菌棉球干燥隔湿,插入3根灭菌纸尖直至牙周袋底,静置10 s,取出后立即置于含有1 mL厌氧转送液的无菌离心管中。将标本在室温下充分振荡混匀,25%Chelex®-100(Bio-Rad公司,加拿大)与标本液按体积比1:3混合,充分振荡混匀,56℃加热30 min,使Chelex®-100与标本溶液中的金属阳离子充分螯合,再将温度升至100℃加热10 min,裂解菌细胞释放细菌DNA至溶液中,然后4℃下15 000 r/min离心

8 min,去除螯合了金属阳离子的Chelex®-100沉淀,收集含DNA的上清液,-20℃保存,备用。

1.3 PCR反应

全细菌基因组16S rRNA共同引物序列参见Ashimoto等^[11]的设计,以检测提取物中是否含有细菌基因组基因;P.gingivalis16S rRNA引物序列和各fimA基因型特异性引物见Amano等^[4]和Nakagawa等^[6]的设计;所有引物均由宝生物工程有限公司(TaKaRa Biotech公司,大连)合成。PCR总反应体系包括:2 μL模板,上下游引物(0.01 mmol/L)各1 μL, MgCl₂ 2 μL, 10×Buffer缓冲液2.5 μL, dNTP (1 mmol/L)2 μL, TaqDNA聚合酶1.5 U(Fermentas公司,立陶宛),无菌三蒸水补足体积至25 μL。以P.gingivalis ATCC33277(由四川大学口腔生物医学工程教育部重点实验室提供)作为阳性对照,等体积三蒸水作为空白对照。PCR反应采用PCR热循环扩增仪(Eppendorf公司,德国)完成,反应条件为:预变性94℃ 5 min;变性94℃ 30 s;退火50~60℃ 45 s;延伸72℃ 30 s, 36个循环,最后延伸72℃ 8 min。由于 ~ fimA基因型P.gingivalis阳性样本也能与 b fimA基因型特异性引物作用,因此对检出 b fimA基因型的P.gingivalis阳性标本,扩增产物应用Rsa I酶进行酶切,如能酶切为109 bp和162 bp 2个片段,则为 ~ fimA阳性,反之,则为 b fimA阴性^[9]。所有实验样本的测定均在盲法下进行,并随机抽取10%的样本作重复性实验。

1.4 PCR反应产物的分析

取PCR扩增产物5 μL在1.5%琼脂糖凝胶中电泳30 min, 0.5 mg/L溴乙锭溶液中染色30 min,采用凝胶成像观察系统Gel Doc 2000(Bio-Rad公司,美国)在302 nm紫外光下观察并记录。50/100 bp Marker(Fermentas公司,立陶宛)确定产物相对分子质量的大小。

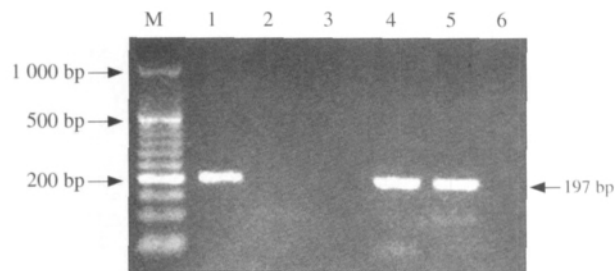
1.5 统计分析

应用统计软件SPSS 11.0进行数据处理。采用卡方检验比较牙周健康组和慢性牙周炎组P.gingivalis检测的阳性率、各fimA基因型的分布以及fimA基因型的分布与年龄的相关性,检验水准为双侧 $\alpha=0.05$ 。计算OR值和95%可信区间以比较各fimA基因型P.gingivalis与牙周状况的相关性之间的关系。

2 结果

2.1 PCR产物的电泳结果

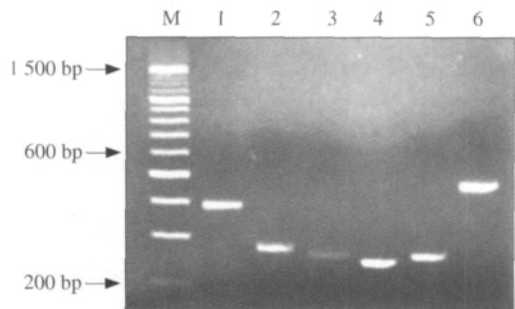
P.gingivalis 16SrRNA PCR产物的电泳结果见图1,各fimA基因型PCR产物电泳结果见图2, ~ b fimA基因型PCR产物酶切电泳图见图3。



M: 相对分子质量Marker; 1、4、5: *P.gingivalis* 阳性 (197 bp); 2、3、6: *P.gingivalis* 阴性

图 1 *P.gingivalis* 16S rRNA PCR产物电泳图

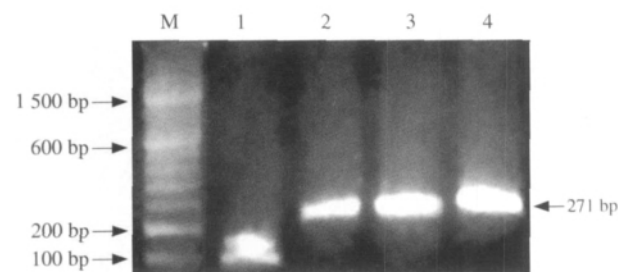
Fig 1 Electrophoresis results of the PCR production obtained with *P.gingivalis* species-specific 16S rRNA primer



M: 相对分子质量Marker; 1: I fimA型 (392 bp); 2: I b fimA型 (271 bp); 3: II fimA型 (257 bp); 4: III fimA型 (247 bp); 5: IV fimA型 (251 bp); 6: V fimA型 (462 bp)

图 2 *fimA* 特异性引物PCR扩增产物电泳结果

Fig 2 PCR products using primers homologous to gene *fimA*



M: 相对分子质量Marker; 1: *P.gingivalis* 551 (I b *fimA* 临床标本) 采用 I b *fimA* 引物的PCR扩增产物的 *Rsa* I 酶切图谱 (109 bp 和 162 bp); 2: *P.gingivalis* ATCC33277 (I *fimA* 型标准株) 采用 I b *fimA* 引物的PCR扩增产物的 *Rsa* I 的酶切图谱 (271 bp); 3: *P.gingivalis* 551 采用 I b *fimA* 引物的PCR扩增产物 (271 bp); 4: *P.gingivalis* ATCC33277 采用 I b *fimA* 引物的PCR扩增产物 (271 bp)

图 3 I b *fimA* 基因型PCR产物的 *Rsa* I 酶切图谱

Fig 3 Detection of type I b *fimA* by PCR amplification and *Rsa* I digestion

2.2 *P.gingivalis* 在牙周健康组和慢性牙周炎组的分布

136例牙周健康者和115例慢性牙周炎患者龈下菌斑样本的DNA提取物经全细菌基因组16S rRNA扩增检测, 阳性率达100%, 排除因取样问题导致样本中无细菌而造成的*P.gingivalis* 16S rRNA PCR产物假阴性结果 牙周健康组中共检出*P.gingivalis* 阳性

样本30例, 阳性率为22.1%; 慢性牙周炎组中共检出*P.gingivalis* 阳性样本94例, 阳性率81.7%。将2组人群按年龄分段, 不同年龄段的*P.gingivalis* 阳性检出率见表1。由表1可见, 在所有年龄段, 慢性牙周炎组*P.gingivalis* 的检出率均高于牙周健康组, 其差异有统计学意义 ($P<0.05$), 但各组不同年龄段之间*P.gingivalis* 的检出率无统计学差异 ($P>0.05$)。

表 1 *P.gingivalis* 在牙周健康组和慢性牙周炎组中的分布

Tab 1 Distribution of *P.gingivalis* in periodontally healthy adults and chronic periodontitis patients

年龄 (岁)	牙周健康组		慢性牙周炎组	
	受检 人数	<i>P.gingivalis</i> 阳性人数/ 检出率 (%)	受检 人数	<i>P.gingivalis</i> 阳性人数/ 检出率 (%)
25~	18	3/16.7	14	10/71.4
35~	63	13/20.6	28	27/96.4
45~	18	4/22.3	32	25/78.1
55~	14	4/28.6	33	25/75.8
65~75	23	6/26.1	8	7/87.5
合计	136	30/22.1	115	94/81.7

2.3 不同*fimA* 基因型*P.gingivalis* 在牙周健康组和慢性牙周炎组中的分布

各*fimA* 型*P.gingivalis* 的单独和联合检出情况见表2、3。牙周健康组30例*P.gingivalis* 阳性样本中, 25例只检出1种*fimA* 型*P.gingivalis* (83.3%); 仅5例样本检出2种*fimA* 型*P.gingivalis* (16.7%), 且均为 I 型与其他*fimA* 型*P.gingivalis* 的联合检出。从总检出例数来看, I 型最高 (20例), 其次为 II 型 (5例) 和 III 型 (3例)。经统计学检验, I 型的检出率高于其他各型 ($P<0.05$); 其他各*fimA* 型*P.gingivalis* 间的检出率均无统计学差异 ($P>0.05$)。另有1个样本*P.gingivalis* 16S rRNA PCR产物结果阳性, 而 I 型和 b *fimA* 型PCR结果均为阴性。慢性牙周炎组94例*P.gingivalis* 阳性样本中, 69例样本 (73.4%) 只检出1种*fimA* 型*P.gingivalis*, 21例 (22.3%) 检出2种, 4例 (4.3%) 检出3种; 其中 I 型和 II 型的联合检出率 (6.4%) 高于其他各型的联合检出率 ($P<0.05$)。从总检出例数来看, I 型最高 (41例), 其次为 II 型 (29例) 和 b 型 (19例)。I 型和 II 型的检出例数高于其他各型, 且有统计学意义 ($P<0.05$); 其他各*fimA* 型*P.gingivalis* 间的检出率均无统计学差异 ($P>0.05$)。

2.4 不同*fimA* 基因型*P.gingivalis* 与成人牙周健康状况的相关性分析

不同*fimA* 基因型*P.gingivalis* 与成人牙周健康状况

况的相关性分析见表4。由表4可见，P.gingivalis与慢性牙周炎的发生密切相关，其OR值为16.36。不同fimA型P.gingivalis与成人慢性牙周炎的相关性经分析，型与成人慢性牙周炎具有明显相关性(OR=36.62)，其次为型(OR=22.86)和b型(OR=13.26)，、型与慢性牙周炎之间为弱相关。

表 2 6种fimA基因型P.gingivalis在牙周健康组和慢性牙周炎组中的分布 [例数/构成比(%)]

Tab 2 Distribution of 6 fimA types in periodontally healthy adults and chronic periodontitis patients carrying P.gingivalis [n/proportion (%)]

fimA 基因型	牙周健康组			慢性牙周炎组		
	单独 检出	联合 检出	合计	单独 检出	联合 检出	合计
	15/50.0	5/16.7	20/66.7	8/8.5	8/8.5	16/17.0
b	1/3.3	1/3.3	2/6.7	9/9.6	10/10.6	19/20.2
	0/0.0	2/6.7	2/6.7	23/24.5	18/19.1	41/43.6
	3/10.0	0/0.0	3/10.0	6/6.4	8/8.5	14/14.9
	2/6.7	0/0.0	2/6.7	20/21.3	9/9.6	29/30.9
	3/10.0	2/6.7	5/16.7	3/3.2	1/1.1	4/4.3
未能分型	1/3.3	0/0.0	1/3.3	0/0.0	0/0.0	0/0.0
合计	25/83.3	5/16.7	30/100	69/73.4	25/26.6	94/100

表 3 6种fimA基因型P.gingivalis在牙周健康组和慢性牙周炎组的联合检出情况[例数/检出率(%)]

Tab 3 Co-distribution of 6 fimA types in periodontally healthy adults and chronic periodontitis patients carrying P.gingivalis [n/proportion(%)]

fimA基因型	牙周健康组	慢性牙周炎组
+ b	1/3.3	2/2.1
+	2/6.7	2/2.1
+	2/6.7	1/1.1
b+	0/0.0	2/2.1
b+	0/0.0	3/3.2
b+	0/0.0	1/1.1
+	0/0.0	4/4.3
+	0/0.0	6/6.4
+ b+	0/0.0	1/1.1
+ +	0/0.0	1/1.1
+ +	0/0.0	1/1.1
b+ +	0/0.0	1/1.1
合计	5/16.7	25/26.6

注 检出率为联合检出例数与各组P.gingivalis阳性例数的比值

表 4 fimA基因型与成人慢性牙周炎的相关性分析
Tab 4 Relationship of P.gingivalis fimA genotypes with periodontitis

fimA基因型	OR值	95%可信区间
	0.97	0.461 -1.907
b	13.26	3.018 -58.290
	36.62	8.608 -155.600
	4.57	2.556 -8.173
	22.86	5.315 -98.240
	1.19	0.291 -4.864
P.gingivalis(所有基因型)	16.36	8.744 -30.618

3 讨论

P.gingivalis是目前公认的慢性牙周炎的主要致病菌之一，在慢性牙周炎患者的龈下菌斑中检出率较高^[2-5]。牙周健康人群龈下菌斑中也可检出P.gingivalis，但检出率从23.1%~36.8%不等^[3-4]。本研究检测115例慢性牙周炎患者和136例牙周健康者的龈下菌斑，P.gingivalis阳性检出率分别为81.7%和22.1%，与其他学者的研究结果接近；进一步对P.gingivalis阳性样本作fimA基因型分析，结果发现牙周健康人群中 fimA型P.gingivalis较多，而慢性牙周炎患者中 fimA型P.gingivalis较多，其次为型和b型。这一结果与Amano等^[4]和Nakagawa等^[9]的研究结果相似，而与Beikler等^[7]和Missailidis等^[8]不同，提示fimA基因型的分布可能与不同人群基因背景的差异有关。在亚洲人中、型P.gingivalis与慢性牙周炎的发生发展关系密切，而高加索人和巴西人中则分别为、型和、b型。

在fimA型P.gingivalis的分布与年龄之间关系的研究中，Tamura等^[12]发现：青少年P.gingivalis阳性样本中未检出 fimA型；型仅分布在较大年龄组中，且型的分布与较大年龄组青少年的牙龈炎发病率存在相关性。随年龄的增长和口腔卫生条件的改变，龈下菌斑中主要优势菌种会发生相应改变，P.gingivalis不同fimA型疾病相关性或疾病非相关性菌株是否也存在类似的优势竞争关系？和 fimA型P.gingivalis的检测是否可以作为亚洲人群预测慢性牙周炎发生发展的危险因素指标？这些问题还有待于扩大不同年龄段人群的样本量进行进一步研究。

Nakagawa等^[9]分析了日本牙周健康人群和牙周炎患者中不同fimA基因型P.gingivalis的分布情况，结果表明，、b、、、、fimA基因型P.gingivalis与慢性牙周炎相关性的OR值分别为0.198、6.51、77.80、2.51、7.54、1.05，与本研究

结果相似,但不完全相同,笔者认为与样本量和纳入人群年龄的差异有关。本研究结果提示, fimA型P.gingivalis与中国成人慢性牙周炎的发生发展的相关性最明显(OR=36.62),其次为 fimA和 bfimA型。

本研究结果表明:我国汉族人群携带的P.gingivalis菌株fimA基因型存在差异,携带不同fimA型P.gingivalis的宿主,其牙周状况也有所不同。特异性fimA型P.gingivalis可能与中国成人慢性牙周炎的发生发展关系密切,为进一步研究不同fimA型P.gingivalis菌株致病性的差异提供了依据。

此外,本研究有1名牙周健康受检者的龈下菌斑P.gingivalis16S rRNA PCR检测阳性,但不能按现有的fimA型进行分型,是否存在新的fimA型P.gingivalis菌株尚有待于进一步研究。

[参考文献]

- [1] Haffajee AD, Socransky SS. Microbial etiological agents of destructive periodontal diseases[J]. Periodontol 2000, 1994, 5(2): 78-111.
- [2] Griffen AL, Becker MR, Lyons SR, et al. Prevalence of Porphyromonas gingivalis and periodontal health status[J]. J Clin Microbiol, 1998, 36(11): 3239-3242.
- [3] Califano JV, Schifferle RE, Gunsolley JC, et al. Antibody reactive with Porphyromonas gingivalis serotypes K1-6 in adult and generalized early-onset periodontitis[J]. J Periodontol, 1999, 70(7): 730-735.
- [4] Amano A, Nakagawa I, Okahashi N, et al. Variations of Porphyromonas gingivalis fimbriae in relation to microbial pathogenesis[J]. J Periodontal Res, 2004, 39(2): 136-142.
- [5] Nakagawa I, Amano A, Ohara-Nenoto Y, et al. Identification of a new variant of fimA gene of Porphyromonas gingivalis and its distribution in adults and disabled populations with periodontitis[J]. J Periodontal Res, 2002, 37(6): 425-432.
- [6] Amano A, Kuboniwa M, Nakagawa I, et al. Prevalence of specific genotypes of Porphyromonas gingivalis fimA and periodontal health status[J]. J Dent Res, 2000, 79(9): 1664-1668.
- [7] Beikler T, Peters U, Prajane S, et al. Prevalence of Porphyromonas gingivalis fimA genotypes in Caucasians[J]. Eur J Oral Sci, 2003, 111(5): 390-394.
- [8] Missalidis CG, Umeda JE, Ota-Tsuzuki C, et al. Distribution of fimA genotypes of Porphyromonas gingivalis in subjects with various periodontal conditions[J]. Oral Microbiol Immunol, 2004, 19(4): 224-229.
- [9] 郭永华, 吴亚菲, 刘天佳, 等. 不同fimA基因型牙龈卟啉单胞菌在慢性牙周炎患者中的分布[J]. 华西口腔医学杂志, 2005, 23(2): 99-102.
GUO Yong-hua, WU Ya-fei, LIU Tian-jia, et al. The distribution of fimA genotype of Porphyromonas gingivalis in chronic periodontitis patients[J]. West China J Stomatol, 2005, 23(2): 99-102.
- [10] Armitage GC. Development of a classification system for periodontal diseases and conditions[J]. Ann Periodontol, 1999, 4(1): 1-6.
- [11] Ashimoto A, Chen C, Bakker I, et al. Polymerase chain reaction detection of 8 putative periodontal pathogens in subgingival plaque of gingivitis and advanced periodontitis lesions[J]. Oral Microbiol Immunol, 1996, 11(4): 266-273.
- [12] Tamura K, Nakano K, Nomura R, et al. Distribution of Porphyromonas gingivalis fimA genotypes in Japanese children and adolescents[J]. J Periodontol, 2005, 76(5): 674-679.

(本文编辑 吴爱华)

柯达医疗集团 2007 年 5 月 1 日正式更名为 Carestream Health 公司

Onex公司在2007年5月已经完对伊士曼柯达公司医疗集团的收购,并于2007年5月1日起以Carestream Health公司的名义开始正式独立运营。作为Onex公司的独立子公司,Carestream Health公司是一家拥有8 100多位员工并为全球150个国家的数万客户提供服务的公司,公司产品将继续使用柯达的商标,拥有柯达医疗集团所有以前的子品牌,如Carestream、DirectView、Softdent、Industrex、X-Sight和PracticeWorks等。同时,该公司在中国成立的锐珂(上海)医疗器材有限公司和锐珂(厦门)医疗器材有限公司也于同日正式开始运营。

Carestream Health公司是一家跻身世界领先的医疗成像和IT解决方案的公司,为医疗、牙科、分子成像系统和无损检测产品的客户提供完整的传统和数字解决方案。公司的前身是伊士曼柯达公司内的一个业务部门,在医疗成像领域积累了110多年的经验,在数字和胶片成像及信息技术方面拥有1 000多项专利。凭借创新的产品组合和广泛的全球销售、服务和分销网络,Carestream Health公司的产品已被全球大约90%的医院和牙科诊所采用。

Carestream Health公司的牙科系统是先进的牙科数字成像和信息技术的全球领先者。Carestream Health公司2006年的收入达到近25亿美元,在为医疗和牙科提供先进的成像产品、服务和IT解决方案,为生命科学研究和新药研发市场提供分子成像系统,以及为无损检测市场提供X线胶片和数字X线产品方面,均居世界领先地位。

有关Carestream Health公司的信息,请与Carestream Health代表联系或者访问www.carestreamhealth.com。

Carestream Health 公司