

· 论著 ·

# 牙周牙髓病变与牙周病原菌感染的相关性分析\*

邢亚丽\*

南阳市中心医院口腔科 (河南 南阳 473000)

**【摘要】目的** 研究分析牙周牙髓病变与牙周病原菌感染存在的相关性,从而依托两者的相关性为该疾病的临床治疗提供参考价值。**方法** 本研究随机性的抽取在我院进行治疗的30例牙周牙髓病变患者,选取50颗患牙作为本次研究的观察组;同时选择同期接受牙齿矫正或者其他牙齿疾病治疗的患者35例,选取35颗患牙作为本次研究的对照组。通过对本次研究纳入的所有患牙采取聚合酶链反应检测病原菌感染情况,同时对本次研究的结果采取统计学软件进行分析。**结果** 通过研究数据显示,本次研究的50颗牙周牙髓病变患牙中发生病原菌感染的患牙有23颗;其中观察组患牙的病原菌感染为26株,具体的株型分别有梭杆菌2株(7.69%)、牙髓卟啉单胞菌3株(11.54%)、牙龈卟啉单胞菌4株(15.38%)、中间普氏菌6株(23.08%)、福赛类杆菌11株(42.31%)。**结论** 牙周牙髓病变与牙周病原菌感染具有相关性,且牙周可疑致病微生物会导致牙周牙髓病变,因此在临床中针对牙周牙髓病变的治疗是基于消除感染源的前提下,再完善相应的治疗措施,从而提升临床治疗的效果。

**【关键词】** 牙周牙髓病变; 牙周病原菌感染; 聚合酶链反应检测; 相关性

**【中图分类号】** R781

**【文献标识码】** A

**【基金项目】** 河南省医学科技攻关计划(联合共建)项目(LHGJ20190201)

**DOI:**10.3969/j.issn.1009-3257.2023.12.009

## Correlation Analysis between Periodontal Pulp Disease and Periodontal Pathogenic Bacteria Infection\*

XING Ya-li\*

Department of Stomatology, Nanyang Central Hospital, Nanyang 473000, Henan Province, China

**Abstract: Objective** To study and analyze the correlation between periodontal pulp disease and periodontal pathogenic bacteria infection, so as to provide reference value for the clinical treatment of this disease based on the correlation between the two. **Methods** In this study, 30 patients with periodontal pulp disease who were treated in our hospital were randomly selected, and 50 affected teeth were selected as the observation group. Meanwhile, 35 patients who received orthodontic treatment or other dental diseases at the same time were selected, and 35 affected teeth were selected as the control objects of this study. All affected teeth included in this study were tested for pathogenic bacteria infection by polymerase chain reaction, and the results of this study were analyzed by statistical software. **Results** According to the research data, among the 50 periodontal pulp diseased teeth in this study, 23 teeth were infected with pathogens. In the observation group, there were 26 strains of dental pathogen infection, including 2 strains of *Fusobacterium* (7.69%), 3 strains of *porphyromonas medulla* (11.54%), 4 strains of *porphyromonas gingivalis* (15.38%), 6 strains of *Prevotella intertella* (23.08%) and 11 strains of *Bacillus forsynei* (42.31%). **Conclusion** Periodontal pulp disease is correlated with periodontal pathogenic bacteria infection, and suspected pathogenic microorganisms in periodontal may cause periodontal pulp disease. Therefore, the clinical treatment for periodontal pulp disease should be based on eliminating the source of infection, and then improve the corresponding therapeutic measures, so as to improve the clinical treatment effect.

**Keywords:** Periodontal Pulp Disease; Periodontal Pathogen Infection; Polymerase Chain Reaction Detection; Correlation

作为临床中较为多发的疾病之一,牙科疾病属于常见性疾病,而牙周炎是其中一类,该疾病的形成因素与菌斑性微生物感染具有相关性。牙周牙髓病变是发生在患者牙髓组织以及牙周组织的一种细菌感染性疾病,该疾病会对患者的牙周牙髓以及周围的组织造成损伤,从而使得患者出现牙齿缺失的情况<sup>[1]</sup>。临床研究发现,牙周牙髓病变疾病的发生主要是由于牙周病晚期或者根尖周病的发生所形成的,因此该疾病的临床表现会呈现多样性、复杂性,涉及的病变组织也较为的广泛;同时,随着患者患牙的病变情况不断加重,就会导致患者病情越加复杂,这也就使得临床上对于疾病病因的确定以及治疗难度显著的提升<sup>[2]</sup>。因此,本研究就通过对牙周牙髓病变与牙周病原菌感染之间的相关性进行研究分析,通过对研究纳入的所有患牙采取聚合酶链反应检测病原菌感染情况,同时对本次研究的结果采取统计学软件进行分析。具体研究结果如下。

### 1 资料与方法

**1.1 一般资料** 本研究随机性的抽取2021年3月-2022年8月期间在我院进行治疗的30例牙周牙髓病变患者,该30例患者中出现病变的患牙总数量为50颗,选取其治疗的50颗患牙作为本次研究

的观察对象(观察组);所有患者均通过采取影像学检查、临床口腔专科检查以及病史检查作为临床诊断的参考依据。同时选择同期在我院牙科就诊接受牙齿矫正或者其他牙齿疾病治疗的患者35例,选取其治疗的患牙35颗作为本次研究的对照对象(对照组)。入院时,分别给与观察组和对照组患者进行探诊初学、龈沟出血指数、牙周袋探诊深度、菌斑指数等临床检查,通过分析发现,两组患者的临床资料比较不存在显著的差异性( $P>0.05$ ),详见表1。

**纳入标准:** 所有患者的患牙不具有龋齿疾病、牙微裂、不全压裂等情况的发生。**排除标准:** 患者在三个月时间内服用过抗菌药物治疗;患者的疾病类型为隐裂患者以及非龋性疾病者。

### 1.2 研究方法

**1.2.1 研究样品的收集和处置** 首先对参与本次研究的30例牙周牙髓病变患者的患牙进行样品的采集,收集患者的患牙50颗。样品的采集需要处于无菌的环境下,由样品采集人员对两组的离体牙进行开髓、去除冠髓、揭顶以及扩管等相应的操作,然后再对离体牙的根尖孔进行石蜡封闭性操作,并通过其根尖孔往内注入硫乙醇酸盐溶液,需要注意的是注入的含量需要控制在少量的范围内;随即操作人员采用无菌纸尖在离体牙上进行采样,无菌纸尖需要放入至硫乙醇酸盐溶液内1毫升,将其进行保存,需要注意

【第一作者】邢亚丽,女,住院医师,主要研究方向:口腔内科。E-mail: xyl2846259@126.com

【通讯作者】邢亚丽

的是关于无菌纸尖的采样需要反复进行两次；对于观察组的样品需要采取探针采样的方式，收集1毫克样品与牙菌斑进行充分的混匀，混匀后将混匀物放置入离心管内保存，离心管内含有1毫升的硫乙醇酸盐液，保存完好后将离心管放置在-20℃的环境内进行冷冻保存，用以留存备用。

**1.2.2 聚合酶链反应检测病原菌微生物DNA** 针对研究样品进行DNA的抽提，主要是采聚合酶链反应的方式进行检测，具体步骤为：将留存备用的离心管样本先进行样本的解冻操作，待样品完全解冻后将其进行离心操作处理5分钟，速度为1000r/min，离心结束后清除纸尖以及离心液的上清；随后采用上海阳关试剂有限公司生产的DNA Minikit试剂盒对根尖周组织的DNA进行抽提，DNA的抽提严格的按照试剂盒的操作说明书进行操作。针对聚合酶链反应的扩增，首先需要根据细菌通用物引物形成全长16SrDNA产物，并将该产物作为模板。因此对于目标病原微生物DNA扩增而言，就需要采取细菌特异引物，即PCR反应体系(50μl)<sup>[3]</sup>。

**1.2.3 电池的检验** PCR扩增大会得到特异性的DNA产物，该产物经过电池的检验过后，再采取核算染料的浸染，浸染时间为40分钟，对于染色后的DNA产物需要认真仔细的查看其存在的电泳条带，并对观察到的电泳条带进行拍照存储资料。随后再将DNA产物上的电泳条带进行切胶，需要注意的是切胶的电泳条带一定是具有典型性的条带，将切割好的条带放置入灭菌的双蒸水中，然后根据克隆的测试顺序依次将条带进行回收，对于克隆测试的数据进行分析，分析的载体主要为Gen-bank，从而分析出该DNA产物中存在的病原菌的类型<sup>[4]</sup>。

**1.2.4 PCR引物** 针对聚合酶链反应的扩增，细菌通用物引物形成全长16SrDNA产物，故将该产物作为模板，即16SrDNA；而在牙髓感染的病原菌也是将16SrDNA作为通用性模板进行应用。对于牙髓感染有关的微生物，梭杆菌、牙髓卟啉单胞菌、牙龈卟啉单胞菌、中间普氏菌以及福赛类杆菌的引物长度区间范围为315-1506(hP)、引物对为(5' → 3')。病原菌的PCR引物序列则具体为：细菌通用性16SrDNA：引物对F:AGAGTTGAATCCTGGCTCAG/R:ACCGGCTACCTTGTGTTACGACTT、引物长度为1506hP；梭杆菌：引物对F:AGAGTTTGAATCCTGGCTCAG/R:CTCATCGTGCACAGAATTGCTG、引物长度为360hP；牙密螺旋体：引物对F:TAAATACCGAATTGTGCTCATTTACAT/R:TCAAAGAAGCATTCCCTCTTCTTCTTA、引物长度为315hP；牙髓感染相关的微生物牙髓卟啉性单胞菌：引物对F:GCTGCAGCTCAACTGTAGTC/R:CCGCTTCATGTCACCATGTC、引物长度为671hP；牙龈卟啉单胞菌：引物对F:AGGCAGCTTCCATACTGCG/R:ACTGTTAGCAACTACCGATGT、引物长度为405hP；中间普氏菌：引物对F:TTTGTGGGGAGTAAAGCGGG/TCAACATCTCTGTATCCTGCGT、引物长度为576hP；福赛类杆菌：引物对F:GCGTATGTAACCTGCCCGCA/R:TGCTTCAGTGTCATTATAGGT、引物长度为642hP<sup>[5-6]</sup>。

**1.3 观察指标** 本次研究中主要就观察组和对照组患者患牙的病原菌阳性结果以及病原菌类型进行统计，根据统计结果分析牙周牙髓病变与牙周病原菌感染的相关性，从而为牙周牙髓病变的诊断和治疗提供参考依据。

**1.4 统计分析** 使用SPSS 24.0软件做统计学结果分析。计量资料采用“均数±标准差”(x̄ ± s)表示，使用t进行检验；计数资料采用百分率[例(%)]表示，使用χ<sup>2</sup>进行检验，当P<0.05时视为差异具有统计学意义。

## 2 结果

**2.1 两组患牙的病原菌阳性对比** 通过研究数据显示，本次研究的50颗牙周牙髓病变患牙中发生病原菌感染的患牙有23颗(46%)，而对照组患牙的病原菌感染为0株，故对照组未检测出病原菌。见表2。

**2.2 观察组患牙的病原菌类型对比** 观察组患牙的病原菌感染为26株，具体的株型分别有：具梭杆菌2株(7.69%)、牙髓卟啉单胞菌3株(11.54%)、牙龈卟啉单胞菌4株(15.38%)、中间普氏菌6株(23.08%)、福赛类杆菌11株(42.31%)。详见表3。

表1 两组患者入院时各项临床资料对比情况

组别	观察组(n=50)	对照组(n=35)	t值	P值
探诊初学(%)	83.98±1.71	84.09±1.74	0.289	0.773
龈沟出血指数(mm)	2.85±0.22	2.81±0.21	0.840	0.403
牙周袋探诊深度(mm)	4.08±0.19	4.12±0.18	0.976	0.332
菌斑指数(mm)	1.45±0.23	1.40±0.22	1.004	0.318

表2 两组患牙的病原菌阳性对比[例(%)]

组别	例数	发生病原菌感染	未发生病原菌感染
观察组	50	23(46.00)	27(54.00)
对照组	35	0(0.00)	35(100.00)
χ <sup>2</sup> 值	-	22.073	22.073
P值	-	0.000	0.000

表3 观察组患牙的病原菌类型对比

病原菌	株数	构成比(%)
梭杆菌	2	7.69
牙髓卟啉单胞菌	3	11.54
牙龈卟啉单胞菌	4	15.38
中间普氏菌	6	23.08
福赛类杆菌	11	42.31
合计	26	100.00

## 3 讨论

牙周牙髓病变属于一种联合性病变，主要是指同一牙齿牙周周围以及牙髓组织等均同时出现了病变的情况<sup>[7]</sup>。牙周牙髓病变的原因是由于牙髓与牙周下根管与根尖孔之间的关系是彼此连接、彼此作用，互为一体，这也就导致了某一方受到感染后，发生感染的牙髓与牙周均会出现不同情况下的交叉感染，这种感染是以厌氧菌为主的感染菌，在厌氧菌的交叉感染下，牙周以及牙髓出现病变的部分就会出现扩散，从而影响到更多的区域，形成联合性的病变情况<sup>[8]</sup>。对于牙周牙髓病变来说，病变会导致牙周炎和牙髓炎的发生时间在同一起，并且临床上牙周炎和牙髓炎的表现特征主要为患者出现疼痛以及肿胀。而对于牙周牙髓病变而言。该病变疾病的临床表现特征主要为窦道的形成、溢脓、疼痛红肿等。因此该疾病的病程较为复杂，牵涉的范围也较为广泛，这也就导致了临床上对于该疾病的治疗也较为漫长，治疗的效果也会受到影响，从而无法有效的达到预期的效果<sup>[9]</sup>。

针对牙周牙髓病变情况，临床中可以采取牙周探查的方式对患者进行诊断，由于牙周探查能够直接的触及到患者的牙周内部，即根尖孔部位，因此当患者的牙齿出现松动情况时，探查部位会出现疼痛的感觉<sup>[10]</sup>。此外，在临床中也能够通过对患者采取X线检查的方式来显示患者的病变部位。虽然目前临床上认为治疗牙周牙髓病变的关键在于能够采取合适的方法进行治疗，但是由于该疾病的联合性病变的特点，导致治疗预后的效果较差<sup>[11]</sup>。这也就使得部分学者提出，在治疗牙周牙髓病变疾病上首要的目标是找出病变的源头，在彻底消除源头的感染源的前提下，在逐步的对周边病变组织和部位进行有效的处理，从而达到治愈的效果<sup>[12]</sup>。

(下转第24页)

