

P-8 한국인 성인성 치주염 환자에서 16S rRNA 분석을 이용한 치은연하 치태 세균 분포도 조사

박성희*, 최성호, 채종규, 김종관, 조규성
연세대학교 치과대학 치주과학교실

16S rRNA 분석법을 통한 세균동정방법은 다른 방법으로는 쉽게 구별이 되지않는 세균의 동정에 유용하게 사용될 수 있다. 치주질환의 원인균으로 여겨지고 있는 다음의 7종류의 세균 즉, *Treponema*, *Actinobacillus actinomycetemcomitans*, *Porphyromonas gingivalis*, *Fusobacterium*, *Bacteroides forsythus*, *Prevotella intermedia*, *Peptostreptococcus micros* 의 성인성 치주염 환자에서의 분포도를 알아보기 위해, 16S rRNA 분석법을 사용하여 29명의 성인성 치주염 환자의 질환부위(치주낭 깊이 $\geq 6\text{mm}$)의 치은연하 치태를 채취하여 실험군으로, 비질환부위(치주낭 깊이 $\leq 3\text{mm}$)에서 채취한 치은연하 치태를 대조2군으로하고, 20명의 건강한 치주조직을 가지는 학생들의 치은연하 치태를 채취하여 대조1군으로 각각 정하여 세 군간의 세균분포도를 비교조사하여 다음과 같은 결과를 얻었다.

1. 각각 세균의 대조1군, 대조2군, 실험군에서의 분포도를 살펴보면 *Treponema*는 대조1군, 대조2군, 실험군에서 각각 12.5%, 24.1%, 75.4%를 보였으며 *A. actinomycetemcomitans*는 0.5%, 19.0%, 44.4%, *P. gingivalis*는 10.5%, 43.1%, 94.0%, *Fusobacterium*은 33.0%, 48.3%, 81.0%, *B. forsythus*는 9.5%, 17.2%, 65.9%, *P. intermedia*는 1.0%, 12.1%, 26.3%, *P. micros*은 5.0%, 19.0%, 48.7%를 각각 나타냈다. 7종류의 세균모두 대조2군, 대조1군에서 보다 실험군에서 통계적인 유의차가 있게 더 높은 세균의 분포도를 보였다($p < 0.05$).
2. *Treponema*, *B. forsythus*, *P. intermedia*의 분포는 대조1군과 대조2군 사이에서는 유의성있는 차이를 보이지 않았다. 그러나, *A. actinomycetemcomitans*, *P. gingivalis*, *Fusobacterium*, *P. micros*에서는 대조1군과 대조2군 사이에서 유의성있는 차이를 나타냈다($p < 0.05$).

이상의 결과에서 볼 때 한국인 대상으로 처음 시행되어진 16S rRNA 분석방법으로 치주질환자에서 치주질환의 원인균들의 분포도를 밝혀내는데 유용하게 사용될 수 있다고 생각된다.