

치주염유발세균 복합체의 분포에 따른 구강건강상태

김지혜^{1†}, 이동익^{1†}, 임상욱¹, 전은숙², 송근배¹, 최연희¹¹경북대학교 치과대학 예방치과학교실, ²춘해보건대학교 치위생과

Oral health condition according to distribution of periodontopathic bacterial complex

Ji-Hye Kim^{1†}, Dong-Ik Lee^{1†}, Sang-Uk Im¹, Eun-Suk Jeon², Keun-Bae Song¹, Youn-Hee Choi¹¹Department of Preventive Dentistry, School of Dentistry, Kyungpook National University, Daegu, ²Department of Dental Hygiene, Choonhae College of Health Sciences, Ulsan, KoreaReceived: January 4, 2020
Revised: February 21, 2020
Accepted: February 25, 2020**Corresponding Author:** Youn-Hee Choi
Department of Preventive Dentistry,
School of Dentistry, Kyungpook National
University, 2177 Dalgubeol-daero, Jung-
gu, Daegu 41940, Korea
Tel: +82-53-660-6875
Fax: +82-53-423-2947
E-mail: cyh1001@knu.ac.kr
https://orcid.org/0000-0001-5712-8097
[†]These authors contributed equally to this
work.**Objectives:** The purpose of this study was to evaluate the association between the distribution of periodontopathic bacteria and oral conditions.**Methods:** Stimulated saliva was collected from 162 adults aged 60 years and above. The prevalence and amount of periodontopathic bacteria in the saliva were analyzed using real-time PCR. Pocket depth and clinical attachment loss were examined to evaluate the oral conditions of the subjects. Patients who had at least one tooth surface involved, with a pocket depth ≥ 4 mm or clinical attachment loss ≥ 5 mm were classified as having periodontal disease.**Results:** The detection rates of most bacteria in the orange and green complexes were more than 90%, while those of *P. gingivalis* and *T. forsythia* in the red complex were 58.6% and 61.7%, respectively. The number of bacteria in the red complex positively correlated with each other. There were no significant differences in the number of types of red complex bacteria in the saliva and the distribution of residual number of teeth and periodontal disease ($P > 0.05$). On the other hand, the number of remaining teeth in subjects with higher bacterial density were more than those with lesser bacterial density. In addition, the occurrence of dental disease differed significantly depending on the number of *P. gingivalis* and *T. forsythia*.**Conclusions:** The relative amount of periodontopathic bacteria is important in the occurrence of periodontal disease, and the number of these bacteria positively correlated with each other.**Key Words:** Oral health, Periodontopathic bacterial complex, Periodontal disease

서론

치주질환은 대표적인 구강질환 중 하나로 치석, 치면세균막과 같은 국소적인 인자들과 유전, 면역 등과 같은 전신적인 인자, 흡연, 음주와 같은 환경적인 요인들의 상호작용으로 발생되어 치은의 염증, 치주조직의 파괴 및 골흡수 등을 야기한다¹⁻³. 치주질환을 유발하는 다양한 요인들 중 특히 치면세균막과 치은열구에 존재하는 세균들의 과도한 증식은 치주질환의 직접적인 원인으로 여겨지고 있다^{4,5}. 치면세균막을 구성하는 세균은 약 700여 종 이상이 보고되고 있으며⁶, 치면

세균막 1 mg에는 2×10^{11} 이상의 세균이 존재하는 것으로 알려져 있지만 그중에서 치주질환의 원인균으로 인식되고 있는 세균은 주로 치은열구와 치은연하 치면세균막에서 서식하는 그람음성 혐기성 세균으로 *Porphyromonas gingivalis* (*P. gingivalis*), *Aggregatibacter actinomycetemcomitans* (*A. actinomycetemcomitans*), *Tannerella forsythia* (*T. forsythia*), *Treponema denticola* (*T. denticola*), *Prevotella intermedia* (*P. intermedia*), *Fusobacterium nucleatum* (*F. nucleatum*) 등이 있다⁷⁻¹⁰.

Socransky 등⁵)은 치은연하 치면세균막 내 세균이 일정 수 이상으

로 증가하면 치주질환에 대한 병원성을 나타내게 된다고 보고하였으며, 세균들의 집락형태, 염색반응, 색소 생성유무, 상호 연관성 등의 특징을 바탕으로 치은연하 치면세균막 내의 세균을 red, orange, yellow, green, purple complex와 같이 5가지로 분류하였다. 특히 red complex를 구성하는 *P. gingivalis*, *T. forsythia*, *T. denticola* 등은 치주질환의 임상적 지표와 강한 관련성을 가진다고 하였다. 이러한 세균들의 증식은 숙주의 방어기전을 파괴시키고, interleukin (IL)-6, IL-1 β , metalloproteinase (MMP), tumor necrosis factor-alpha (TNF- α) 등의 염증물질들을 생성하여 치아주위조직으로 방출됨으로서 치주조직을 파괴시킨다^{2,11-14}. 따라서 구강 내에 존재하는 치주세균의 종류 및 분포와 정도를 분석하는 것은 치주질환의 적절한 치료와 예방을 위해서 꼭 필요하다고 할 수 있다.

치주질환의 원인균을 검사하는 대표적인 방법으로는 미생물 배양법과 중합효소연쇄반응법(Polymerase chain reaction, PCR)과 같은 분자생물학적 기술 등이 있으나 전통적인 중합효소 연쇄반응은 세균의 존재 유무를 평가할 수는 있지만 정량적인 분석은 불가능한 단점이 있어, 현재는 다중실시간 중합효소 연쇄반응기법(Multiplex real-time polymerase chain reaction, real-time PCR)이 많이 사용되고 있다. 이 방법은 미량의 DNA만으로도 확인이 가능하고, 특이성과 민감성이 우수하다고 평가되고 있기 때문이다¹⁵⁻¹⁷. 이러한 분석을 위해 사용되는 치주질환 세균의 채취 장소는 기존 연구들에서는 대부분 치은연하 치태를 이용하였으나, 근래에는 치은연상 치태와 타액도 유용한 장소로 평가되고 있다¹⁸⁻²⁰. 특히 타액은 구강의 여러 부위에서 유래하는 세균을 다양하게 포함하고 있기 때문에 채취하는 장소에 따라 결과가 상이하게 나타날 수 있는 치면세균막보다는 구강 내 치주세균의 분포를 보다 정확하게 반영할 수 있을 뿐만 아니라 획득이 쉽고 빠르다는 장점을 가지고 있다²⁰.

현재까지 이러한 분석법을 이용한 치주질환 원인균에 관한 국외 연구는 매우 많지만, 국내에서 보고된 경우는 소아와 청소년을 대상으로 이루어진 연구와 만성 치주염 환자와 건강한 성인의 구강 내 치주세균을 비교 분석하거나 치주치료 전후 치주세균의 양을 비교한 정도이며, 분석을 위해 대부분 치면세균막을 활용하였다²¹⁻²⁴.

이에 이번 연구에서는 타액샘플을 이용하여 치주질환 이환율이 높은 성인 및 노인의 구강 내 치주질환 유발세균 복합체의 분포 및 정도를 분석하여, 향후 치주질환 치료 및 예방에 활용하고자 한다.

연구대상 및 방법

1. 연구대상

이 연구는 강화도 양사면에서 건강 노년을 위한 구강검진 프로그램에 참여하기로 동의한 만 60세 이상 노인 162명을 대상으로 하였다. 연구 시행 전 경북대학교 연구윤리심의위원회의 승인을 받았다(KNUH 2015-07-007-001).

2. 구강검사

대상자의 구강 상태를 확인하기 위하여 치과 의사 1인이 이동식 치과진료 의자와 인공조명 하에서 치경과 치주탐침을 이용하여 치주

낭탐침깊이(Probing pocket depth, PD), 치은퇴축(Gingival recession, GR), 임상적부착치은소실(Clinical attachment loss, CAL)을 조사하였다. 검사는 모든 치아의 6개 치면을 대상으로 하였으며, 치주낭 깊이가 4 mm 이상인 치면이 1개 이상이거나 임상적부착치은소실이 5 mm 이상인 치면이 1개 이상인 경우를 치주질환으로 분류하였다.

3. 시료채취

대상자에게 chewing wax를 1분간 저작하게 하여 자극성 타액을 채취하였으며, 이 중 2 ml의 자극성 타액을 치주세균 분석 업체(Periogen, ㈜마이크로이즈, Korea)에서 제공한 가글액과 혼합하여 분석 전까지 냉장보관하였다.

4. 치주세균 분석

타액 시료는 냉장상태로 ㈜마이크로이즈 바이오사업부 PerioGen에 보내져 다중실시간 중합효소연쇄반응기법을 사용하여 치주질환과 관련이 있다고 알려진 11개 균주 *P. gingivalis*와 *T. forsythia*, *T. denticola*, *P. intermedia*, *F. nucleatum*, *P. micra*, *C. rectus*, *E. nodatum*, *A. actinomycetemcomitans*와 *P. nigrescens*, *E. corrodens*의 분포와 수를 Socransky 등⁵의 분류에 따라 5가지로 구분하여 분석하였다.

각각의 세균 검출을 위해 위해서는 Exgene Clinic SV mini Kit (GeneAll, Korea)를 이용하여 구강미생물의 DNA를 추출한 후, functional gene (Rgp B, Waa, gtf)으로부터 specific primer를 제작하여^{25,26}, 약 200 bp 내외의 DNA 단편을 ABI 7500 Fast Real-Time PCR System (Applied Biosystems, CA, USA)을 이용하여 각각 증폭하였으며, 표준균주의 genomic DNA를 10배수로 희석하여 완성된 표준곡선에 대입하여 각 세균의 수를 정량하였다.

5. 통계분석

모든 통계분석은 SPSS version 25.0 (IBM Co., Armonk, NY, USA)을 이용하였으며, 유의성 검증은 유의수준 0.05% 미만으로 하였다. Red complex에 해당하는 세균 간의 상관성은 Pearson's correlation을 사용하여 분석하였고, 치주세균에 따른 구강 상태는 one-way ANOVA, independent t-test, Chi-squared test를 실시하였다.

연구 성적

1. 연구대상자의 일반적 특성

연구대상자는 80세 이상이 72명(44.8%), 80세 미만이 90명(55.2%)이었고, 남자가 53명(32.7%), 여자가 109명(67.3%)이었다. 동거형태는 배우자와 함께 거주하는 경우가 103명(63.6%)으로 가장 많았고, 독거인 경우가 40명(24.7%), 가족과 함께 거주하는 경우가 19명(11.7%)으로 나타났다. 지난 1년간 치과를 방문한 경험이 있는 경우는 61명(37.7%)으로 그렇지 않은 경우 101명(62.3%)의 절반 수준이었으며, 의치 장착을 한 경우가 74명(45.7%), 의치를 장착하지 않은 경우는 88명(54.3%)으로 나타났다. 잔여치아 수는 21개 이상인 경우가 80명(49.4%)으로 가장 많았고, 11-20개 37명(22.8%), 1-10개 30명

(18.5%), 0개 15명(9.3%) 순으로 나타났다(Table 1).

2. 연구대상자의 구강 내 치주세균의 출현율

연구대상자들의 타액시료에서 확인한 치주세균의 출현율은 Fig. 1과 같다. Red complex에 해당하는 *P. gingivalis*와 *T. forsythia*, *T. denticola*는 각각 58.6%, 61.7%, 92.6%의 대상자에서 검출되었고, orange complex에 해당하는 *P. intermedia*, *F. nucleatum*, *P. micra*, *C. rectus*, *E. nodatum*, *P. nigrescens*는 각각 99.4%, 100%, 96.3%, 99.4%, 78.4%, 82.7%의 대상자에서 검출되어 red complex에 해당하는 균주들에 비해 더 높은 검출률을 나타냈다. Green complex에 해당하는 균주들에 비해 더 높은 검출률을 나타냈다. Green complex에 해당하는 균주들에 비해 더 높은 검출률을 나타냈다.

Table 1. General characteristics of the study participants

Variables	N (%)
Total	162 (100)
Age	
<80	90 (55.2)
≥80	72 (44.8)
Gender	
Male	53 (32.7)
Female	109 (67.3)
Living arrangement	
Alone	40 (24.7)
With spouse	103 (63.6)
With family	19 (11.7)
Visiting dental clinic during past 1 year	
No	101 (62.3)
Yes	61 (37.7)
Usage of denture	
No	88 (54.3)
Yes	74 (45.7)
Number of remaining teeth	
0	15 (9.3)
1-10	30 (18.5)
11-20	37 (22.8)
≥21	80 (49.4)

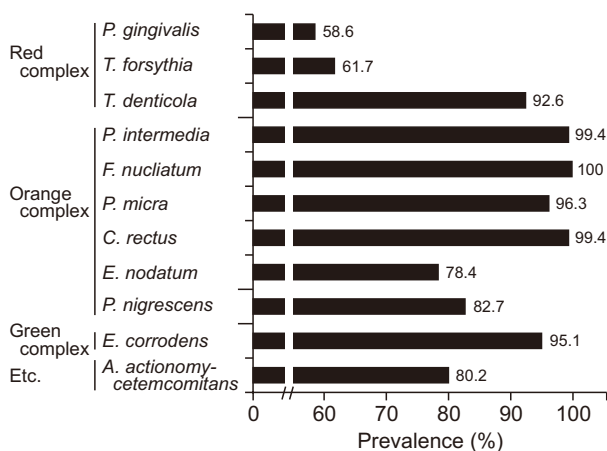


Fig. 1. Prevalence of periodontopathic bacteria in study participants by multiplex real-time PCR.

plex에 해당하는 *E. corrodens*의 경우 95.1%의 대상자들에게서 확인되었고, 이 외에 *A. actinomycetemcomitans*는 80.2%의 대상자들에게서 검출되었다.

3. 연구대상자의 구강 내 주요 치주세균의 분포

연구대상자들의 구강 내 치주세균의 보유정도는 Table 2와 같다. 전체 치주세균의 보유량은 $2.5 \times 10^8 \pm 2.2 \times 10^8$ 이었으며, *A. actinomycetemcomitans*는 $6.7 \times 10^3 \pm 2.7 \times 10^4$ 으로 가장 적은 양을 보였다. 가장 많은 양을 보인 균주는 orange complex의 *P. intermedia*로 $2.2 \times 10^6 \pm 6.0 \times 10^6$ 를 보유하였으며, *F. nucleatum*가 $9.7 \times 10^5 \pm 2.3 \times 10^6$ 으로 그 뒤를 이었다. Orange complex의 *P. micra*, *C. rectus*, *E. nodatum*, *P. nigrescens*는 각각 $2.2 \times 10^4 \pm 3.7 \times 10^4$, $5.2 \times 10^4 \pm 1.9 \times 10^5$, $3.8 \times 10^4 \pm 1.4 \times 10^5$, $3.5 \times 10^4 \pm 6.6 \times 10^4$ 으로 비슷한 수준을 보였으며, Red complex에 해당하는 *P. gingivalis*와 *T. forsythia*, *T. denticola*는 각각 $3.8 \times 10^5 \pm 1.1 \times 10^6$, $4.4 \times 10^4 \pm 1.0 \times 10^5$, $7.1 \times 10^4 \pm 2.7 \times 10^5$ 으로 *P. gingivalis*가 가장 많았다. Green complex에 해당하는 *E. corrodens*는 $1.7 \times 10^5 \pm 3.1 \times 10^5$ 으로 나타났다.

4. Red complex에 해당하는 세균들의 분포 및 상관관계

Red complex에 해당하는 *P. gingivalis*, *T. forsythia*, *T. denticola*는 모두 양의 상관관계를 보였다. 특히 *P. gingivalis*는 *T. forsythia*와 가장 강한 양의 상관관계가 있었으며($r=0.552$, $P<0.001$), *T. denticola* ($r=0.457$, $P<0.001$)와도 강한 상관관계를 보였다. *T. forsythia*와 *T. denticola* 역시 양의 상관관계가 있었다($r=0.384$, $P<0.001$) (Fig. 2).

5. 주요 치주세균 보유에 따른 구강상태

Red complex에 해당하는 세균들(*P. gingivalis*, *T. forsythia*, *T. denticola*)의 보유에 따른 구강상태를 분석한 결과 보유하는 세균의

Table 2. Amount of periodontopathic bacteria in study participants by multiplex real-time PCR (Mean \pm S.D.)

	Average Ct value	Average copy number
Red Complex		
<i>P. gingivalis</i>	17.88 \pm 15.34	$3.8 \times 10^5 \pm 1.1 \times 10^6$
<i>T. forsythia</i>	20.07 \pm 16.02	$4.4 \times 10^4 \pm 1.0 \times 10^5$
<i>T. denticola</i>	30.55 \pm 9.04	$7.1 \times 10^4 \pm 2.7 \times 10^5$
Orange Complex		
<i>P. intermedia</i>	27.21 \pm 4.61	$2.1 \times 10^6 \pm 6.0 \times 10^6$
<i>F. nucleatum</i>	25.38 \pm 2.28	$9.7 \times 10^5 \pm 2.3 \times 10^6$
<i>P. micra</i>	27.62 \pm 6.40	$2.2 \times 10^4 \pm 3.7 \times 10^4$
<i>C. rectus</i>	31.73 \pm 3.62	$5.2 \times 10^4 \pm 1.9 \times 10^5$
<i>P. nigrescens</i>	24.79 \pm 12.01	$3.8 \times 10^4 \pm 1.4 \times 10^5$
<i>E. nodatum</i>	21.09 \pm 11.73	$3.5 \times 10^4 \pm 6.6 \times 10^4$
Green Complex		
<i>E. corrodens</i>	27.70 \pm 7.16	$1.7 \times 10^5 \pm 3.1 \times 10^5$
Etc.		
<i>A. actinomycetemcomitans</i>	27.07 \pm 13.73	$6.7 \times 10^3 \pm 2.7 \times 10^4$
Total	19.64 \pm 1.97	$2.5 \times 10^8 \pm 2.2 \times 10^8$

종류가 많을수록 구강 내 잔여 치아수가 증가하는 경향을 보였으나 통계적으로 유의한 차이는 없었으며($P>0.05$), 보유하는 균종의 수와 치주질환 유무의 관련성 역시 유의한 차이는 없었다(Table 3).

Red complex에 해당하는 세균들을 평균 이상 보유하는 군과 평균 미만 보유하는 군으로 나누어 구강상태를 분석한 결과, 세 가지 균주 모두 평균이상의 세균을 보유한 군이 평균미만으로 보유한 군에 비해 잔존 치아수가 더 많았다($P<0.05$, Table 4). 치주질환 발생과 치주세균의 수의 분포를 분석한 결과에서는 *P. gingivalis*와 *T. forsythia*의 수가 치주질환발생과 관련이 있었다($P<0.05$, Table 4).

고 안

치주질환은 단일 미생물에 의해 유발되는 대다수의 감염성 질환과는 다르게 다양한 종류의 세균이 복합적으로 작용하여 발생한다. 따라서 치주질환 유발 세균에 대한 정량 및 정성 분석은 치주질환의 예측 및 조기진단, 효과적인 치료를 위해 필수적이라고 할 수 있다. 따라서 이번 연구에서는 치주질환 이환율이 높은 60세 이상 성인 및 노인의 구강 내 치주질환 유발세균의 분포와 정도를 분석 하였으며, 분석을 위해 타액 샘플을 채취하여 다중실시간 증합효소연쇄반응기법을 활용

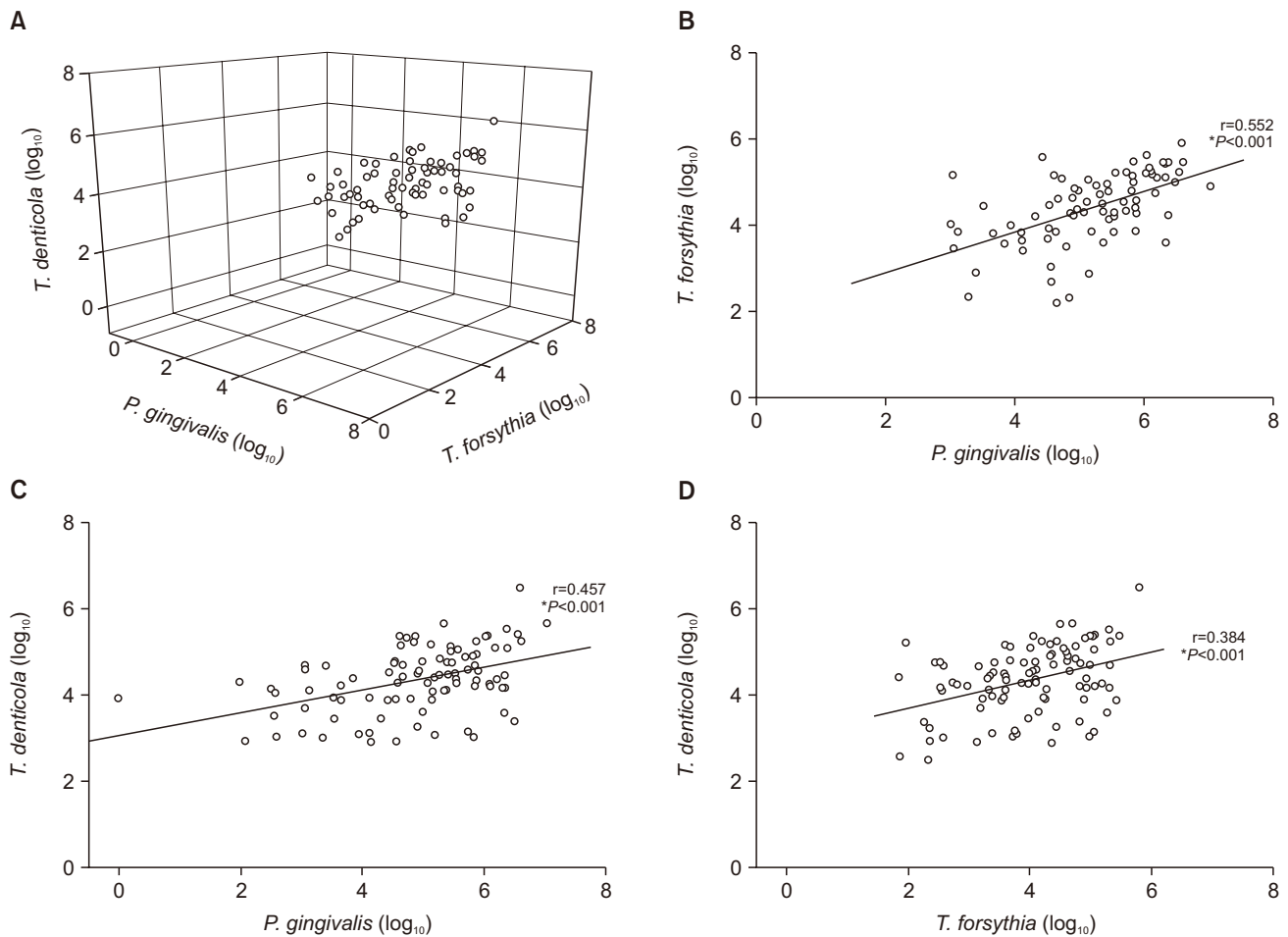


Fig. 2. Correlation of red complex bacteria. * P -value was analyzed by Pearson's correlation.

Table 3. Oral health status according to red complex bacteria species

The number of strains	N (%)	Number of remaining teeth	Periodontitis	
			No	Yes
0	7 (4.3)	14.29±7.59	1 (3.2)	6 (5.3)
1	42 (25.9)	15.21±10.77	8 (25.8)	27 (23.7)
2	36 (22.2)	18.67±10.97	8 (25.8)	23 (20.2)
3	77 (47.5)	19.08±8.47	14 (45.2)	58 (50.9)
Total	162 (100)	17.78±9.74	31 (100)	114 (100)
P -value		0.139*		0.855 [†]

* P -value was analyzed by one-way ANOVA. [†] P -value was analyzed by Chi-squared test.

Table 4. Oral health status according to the number of red complex bacteria

Division	The number of bacteria	N (%)	The number of remaining teeth	Periodontitis [†]	
				No	Yes
<i>P. gingivalis</i>	<3.8×10 ⁵	133 (82.1)	16.91±10.13	29 (93.5)	88 (77.2)
	≥3.8×10 ⁵	29 (17.9)	21.76±6.50	2 (6.5)	26 (22.8)
<i>P</i> -value			0.002*		0.041 [†]
<i>T. forsythia</i>	<4.4×10 ⁴	126 (77.8)	16.67±10.18	28 (19.3)	82 (71.9)
	≥4.4×10 ⁴	36 (22.2)	21.64±6.84	3 (9.7)	32 (28.1)
<i>P</i> -value			0.001*		0.034 [†]
<i>T. denticola</i>	<7.1×10 ⁴	134 (82.7)	17.10±10.07	27 (87.1)	91 (79.8)
	≥7.1×10 ⁴	28 (17.3)	21.00±7.32	4 (12.9)	23 (20.2)
<i>P</i> -value			0.021*		0.356 [†]

**P*-value was analyzed by independent t-test. [†]*P*-value was analyzed by Chi-squared test. [‡]Edentulous subjects were excluded from the analysis.

하였다.

연구 대상자들의 구강에서는 orange complex와 green complex에 해당하는 균주들의 대다수가 90% 이상의 높은 출현율을 보였다. Orange complex와 green complex에 속하는 대다수의 균주는 치주질환을 가진 대상자에서 흔히 확인되는 균주이며, *F. nucleatum*와 *P. intermedia*는 치주질환에 이환된 모든 대상자들에게서 발견된다고 하였다²⁷⁾. 이번 연구에서도 대상자들의 78.6%가 임상적부착치은소실(CAL)이 5 이상인 치면이 1개 이상이거나 치주낭깊이(PD)가 4 mm 이상인 치면이 1개 이상으로, 대다수가 치주질환에 이환되어 있어 기존 연구들과 마찬가지로 orange complex와 green complex에서 높은 출현율을 보인 것으로 보인다. 반면, red complex의 *P. gingivalis*와 *T. forsythia*는 각각 58.6%와 61.7%로 전체 균주들 중 가장 낮은 출현율을 나타냈다. *P. gingivalis*와 *T. forsythia*는 성인들에게서 흔히 발생하는 만성치주염에서 흔히 발견되는 것으로 알려져 있으며²⁸⁾, 특히 파괴성 치주질환 및 진행성 치주질환과 강한 관련성을 가지는 병원균으로 보고되고 있으므로²⁷⁾, 평균 임상적부착치은소실(CAL)이 5 이상인 중증 치주질환의 분포가 19.8%인 이번 연구 대상자들에서는 타 균주에 비해 출현 빈도가 낮게 나타난 것으로 보인다.

치주상태와 *P. gingivalis*의 관계를 평가한 Kawada 등²⁹⁾의 보고에 의하면 치주낭의 깊이가 1 mm 증가할수록 세균의 수가 10배 증가하고, 그 중에서도 *P. gingivalis*의 상대적 양 증가를 보인다고 하였으며, Asai 등³⁰⁾도 *T. denticola*와 치주낭의 깊이가 상관성이 있음을 증명하였다. 따라서 치주상태 평가 시 균주의 존재 뿐만 아니라 상대적 양을 측정하는 것이 중요하다. 이번 연구에서는 *A. actinomycetemcomitans*가 가장 적었으며, *P. intermedia*와 *F. nucleatum*가 가장 많았다. 일반적으로 *A. actinomycetemcomitans*는 유년형 치주염이나 사춘기전 치주염에서 증가한다고 보고되고 있으므로 60세 이상을 대상으로 한 이번 연구에서는 가장 적은 양을 보인 것으로 판단된다.

Suzuki 등³¹⁾을 비롯한 다수의 연구들에서 구강 내 균주들이 서로

강한 상관관계를 가진다고 보고하였다. 이번 연구에서도 치주질환 유발 가능성이 높다고 알려진 red complex에 해당하는 *P. gingivalis*, *T. forsythia*, *T. denticola*의 상관관계를 분석한 결과 세 균주 모두 양의 상관관계를 가지는 것을 확인하였으며, 이러한 결과는 이들 균주가 복합적으로 작용할 경우 치주질환 유발 가능성을 높일 가능성이 있다고 추정할 수 있다. 실제로 이들 균주의 분포가 구강 상태에 미치는 영향을 확인해 본 결과, 보유하는 균종의 수와 치주질환 발생 분포는 통계적으로 유의한 차이를 보이지는 않았다. Kawada 등²⁹⁾의 주장과 같이 특정 세균의 출현 유무도 중요하지만 이들 세균의 상대적 양이 중요하므로 보유하는 세균의 종류만으로는 뚜렷한 구강건강상태의 차이를 확인할 수 없었던 것으로 판단된다. 따라서 red complex에 해당하는 *P. gingivalis*, *T. forsythia*, *T. denticola*의 수에 따른 구강 상태를 비교한 결과 세 가지 균주 모두 평균이상 세균을 보유한 군이 평균미만으로 보유한 군에 비해 잔존 치아수가 더 많았다. 이러한 결과는 치주질환을 유발하는 세균이 혐기성 세균이라는 사실로 미루어 봤을 때 치아와 같은 구조물이 많은 경우 군이 증식할 수 있는 요건을 충분히 만족시켜 줄 수 있기 때문으로 추정할 수 있다. 또한 *P. gingivalis* 및 *T. forsythia*의 수에 따라 치주질환 발생이 유의한 차이를 보여 Kawada 등²⁹⁾의 주장과 같은 결과를 보였다.

이상의 결과를 종합해 보았을 때, 치주질환 발생은 구강 내 보유하는 세균의 상대적 양이 중요하며, 특히 *P. gingivalis* 및 *T. forsythia*의 수가 깊게 관여하고 있다는 것을 확인할 수 있었다. 그러나 이번 연구의 대상자들은 치주질환 진행 정도는 다르지만 대부분이 치주질환에 이환되어 있고, 각 대상자의 구강 내 남아있는 치아의 수도 각기 달라 치주세균이 구강건강상태에 미치는 영향을 명확하게 확인하는데 한계가 있었다. 향후 연구에서는 이러한 제한점을 보완하여 다양한 구강 상태를 보유한 다수의 대상자의 치주세균을 정성 및 정량적으로 분석할 필요가 있다고 생각된다. 이번 연구를 기초로 치주세균이 구강상태에 미치는 영향을 다양한 각도로 분석한다면 치주질환의 적절한 치료는 물론 예방에 상당한 도움이 되리라 기대한다.

결론

이번 연구에서는 치주질환 이환율이 높은 60세 이상 성인 및 노인 162명의 구강 내 치주질환 유발 세균 복합체의 분포와 정도를 분석하여 다음과 같은 결론을 얻었다.

1. Orange complex와 green complex의 대다수 세균들은 90% 이상의 높은 출현율을 보인 반면, red complex의 *P. gingivalis* 및 *T. forsythia*와 *A. actinomycetemcomitans*는 각각 58.6%, 61.7%, 80.2%의 출현율을 나타냈다.

2. 구강 내 세균의 수는 *A. actinomycetemcomitans*가 가장 적었으며, *P. intermedia*와 *F. nucleatum*가 가장 많았다.

3. Red complex에 해당하는 *P. gingivalis*, *T. forsythia*, *T. denticola*는 모두 양의 상관관계를 보였다.

4. 타액 내 red complex 세균 종류의 수와 잔존 치아수 및 치주질환 발생 분포는 유의한 차이가 없었다($P>0.05$).

5. Red complex 세균을 평균 이상 보유하는 대상자는 평균 미만으로 보유한 대상자에 비해 잔존 치아수가 더 많았으며($P<0.05$), 특히 *P. gingivalis*, *T. forsythia*의 수에 따라 치주질환 발생에 유의한 차이를 보였다($P<0.05$).

이상의 결과를 종합하면, 치주질환 발생에 있어 구강 내 치주세균은 존재 유무보다는 상대적 양이 더 중요하며, 각 세균들이 서로 상관성을 가지는 것을 확인할 수 있었다.

ORCID

Ji-Hye Kim, <https://orcid.org/0000-0001-5151-0113>
 Dong-Ik Lee, <https://orcid.org/0000-0002-2799-7811>
 Sang-Uk Im, <https://orcid.org/0000-0002-1194-9145>
 Eun-Suk Jeon, <https://orcid.org/0000-0003-3330-3772>
 Keun-Bae Song, <https://orcid.org/0000-0002-5416-5500>

References

- Darveau RP. Periodontitis: a polymicrobial disruption of host homeostasis. *Nat Rev Microbiol* 2010;8:481-490.
- Offenbacher S, Barros SP, Beck JD. Rethinking periodontal inflammation. *J Periodontol* 2008;79:1577-1584.
- Pihlstrom BL, Michalowicz BS, Johnson NW. Periodontal diseases. *Lancet* 2005;366:1809-1820.
- Moore WE, Moore LV. The bacteria of periodontal diseases. *Periodontol* 2000 1994;5:66-77.
- Socransky SS, Haffajee AD. The bacterial etiology of destructive periodontal disease: current concepts. *J Periodontol* 1992;63:322-331.
- Zijngel V, van Leeuwen MB, Degener JE, Abbas F, Thurnheer T, Gmür R, et al. Oral biofilm architecture on natural teeth. *PloS one* 2010;24:5:e9321.
- Loomer PM. Microbiological diagnostic testing in the treatment of periodontal diseases. *Periodontol* 2000 2004;34:49-56.
- Moore WE, Moore LH, Ranney RR, Smibert RM, Burmeister JA, Schenkein HA. The microflora of periodontal sites showing active destructive progression. *J Clin Periodontol* 1991;18:729-739.
- Tanner AC, Socransky SS, Goodson JM. Microbiota of periodontal pockets losing crestal alveolar bone. *J Periodontol Res* 1984;19:279-291.
- Haffajee AD, Socransky SS. Microbial etiological agents of destructive periodontal diseases. *Periodontol* 2000 1994;5:78-111.
- Yucel-Lindberg T, Båge T. Inflammatory mediators in the pathogenesis of periodontitis. *Expert Rev Mol Med* 2013;15:e7.
- Genco RJ. Host responses in periodontal diseases: current concepts. *J Periodontol*. 1992;63 4 Suppl:S338-355.
- Graves DT, Cochran D. The contribution of interleukin-1 and tumor necrosis factor to periodontal tissue destruction. *J periodontol* 2003;74:391-401.
- Beklen A, Tüter G, Sorsa T, Hanemaaijer R, Virtanen I, Tervahartiala T, et al. Gingival tissue and crevicular fluid co-operation in adult periodontitis. *J Dent Res* 2006;85:59-63.
- Gersdorf H, Meissner A, Pelz K, Krekeler G, Gobel UB. Identification of *Bacteroides forsythus* in subgingival plaque from patients with advanced periodontitis. *J Clin Microbiol* 1993;31:941-946.
- Lyons SR, Griffen AL, Leys EJ. Quantitative real-time PCR for *porphyromonas gingivalis* and total bacteria. *J Clin Microbiol* 2000;38:2362-2365.
- Sakamoto M, Takeuchi Y, Umeda M, Ishikawa I, Benno Y. Rapid detection and quantification of five periodontopathic bacteria by real-time PCR. *Microbiol Immunol* 2001;45:39-44.
- Ximénez-Fyvie LA, Haffajee AD, Socransky SS. Microbial composition of supra- and subgingival plaque in subjects with adult periodontitis. *J Clin Periodontol* 2000;27:722-732.
- Mayanagi G, Sato T, Shimauchi H, Takahashi N. Detection frequency of periodontitis-associated bacteria by polymerase chain reaction in subgingival and supragingival plaque of periodontitis and healthy subjects. *Oral Microbiol Immunol* 2004;19:379-385.
- Kulekci G, Leblebicioglu B, Keskin F, Ciftci S, Badur S. Salivary detection of periodontopathic bacteria in periodontally healthy children. *Anaerobe* 2008;14:49-54.
- Choi HJ, Kim JH, Lee DW, Yang YM, Kim JG. Prevalence of periodontopathogens in saliva and plaque of Korean children and adolescents. *J Korean Acad Pediatr Dent* 2016;43:8-16.
- Kim SM, Yang KH, Choi NK, Kang MS, Oh JS. Quantitative detection of periodontopathic bacteria using real-time PCR. *J Korean Acad Pediatr Dent* 2008;35:494-503.
- Park SH, Kim SY, Choi SH, Chai JK, Kim CK, Cho KS. The detection of subgingival plaque microflora using 16S rRNA analysis in Korean adult periodontitis. *J Korean Acad Periodontol* 1998;28:691-701.
- Kim YS, Lee JH, Lee YE. Comparison of quantitative detection of periodontal pathogens before and after scaling by real-time polymerase chain reaction. *J Korean Soc Dent Hyg* 2015;15:1063-1071.
- Nonnenmacher C, Dalpke A, Mutters R, Heeg K. Quantitative detection of periodontopathogens by real-time PCR. *J Microbiol Methods* 2004;59:117-125.
- Yun JH, Park JE, Kim DI, Lee SI, Choi SH, Cho KS, et al. Identification of putative periodontal pathogens in Korean chronic periodontitis patients. *J Korean Acad Periodontol* 2008;38:143-152.
- Darby I, Curtis M. Microbiology of periodontal disease in children and young adults. *Periodontology* 2000;26:33-53.
- Slots J, Ting M. *Actinobacillus actinomycetemcomitans* and *Porphyromonas gingivalis* in human periodontal disease: occurrence and treatment. *Periodontol* 2000 1999;20:82-121.
- Kawada M, Yoshida A, Suzuki N, Nakano Y, Saito T, Oho T, et al. Prevalence of *Porphyromonas gingivalis* in relation to periodontal status assessed by real-time PCR. *Oral Microbiol Immunol*

- 2004;19:289-292.
30. Asai Y, Jinno T, Igarashi H, Ohyama Y, Ogawa T. Detection and quantification of oral treponemes in subgingival plaque by real-time PCR. *J Clin Microbiol* 2002;40:3334-3340.
 31. Suzuki N, Yoshida A, Saito T, Kawada M, Nakano Y. Quantitative microbiological study of subgingival plaque by real-time PCR shows correlation between levels of *Tannerella forsythensis* and *Fusobacterium* spp. *J Clin Microbiol* 2004;42:2255-2257.