

正畸治疗联合牙周组织再生术对 HIV 感染的侵袭性牙周炎患者牙周微生物的影响

罗琴¹ 邹毅军² (通讯作者)

1 湖南省人民医院口腔科, 湖南长沙市, 410005;

2 长沙市第一医院, 湖南长沙市, 410000;

摘要: 目的: 探讨正畸治疗联合牙周组织再生术 (GTR) 对人类免疫缺陷病毒 (HIV) 感染的侵袭性牙周炎 (AgP) 患者牙周临床指标及龈下微生物群落结构的影响。方法: 选取 2021 年 1 月至 2023 年 6 月于我院就诊的 HIV 阳性伴 AgP 患者 40 例, 随机分为联合治疗组 ($n=20$) 和单纯牙周治疗组 ($n=20$)。联合治疗组在接受高效抗逆转录病毒治疗 (HAART) 且病毒载量受控的基础上, 行牙周基础治疗, 随后进行正畸治疗排齐牙齿、消除创伤因素, 并对符合适应症的牙周骨缺损行 GTR 术。单纯牙周治疗组仅接受牙周基础治疗和必要的牙周手术。分别于治疗前、治疗后 6 个月检测并记录所有患者的牙周探诊深度 (PD)、临床附着丧失 (CAL)、龈沟出血指数 (SBI), 并采集龈下菌斑样本, 通过 16S rRNA 高通量测序分析牙周致病菌的相对丰度。结果: 治疗后 6 个月, 两组患者的 PD、CAL、SBI 均较治疗前显著改善 ($P<0.05$), 但联合治疗组的改善程度显著优于单纯牙周治疗组 ($P<0.05$)。微生物学分析显示, 联合治疗组在治疗后, 牙周致病菌群如牙龈卟啉单胞菌 (*Porphyromonas gingivalis*)、连翘坦纳菌 (*Tannerella forsythia*) 及齿垢密螺旋体 (*Treponema denticola*) (即“红色复合体”) 的相对丰度显著下降, 而口腔共生菌如血链球菌 (*Streptococcus sanguinis*) 的相对丰度显著上升, 其菌群结构改善幅度均大于单纯牙周治疗组。结论: 对于病毒载量受控的 HIV 感染 AgP 患者, 在规范的牙周治疗基础上, 联合正畸治疗与牙周组织再生术, 能更有效地改善牙周临床状况, 并显著优化龈下微生物生态, 促进牙周微环境向健康方向转变。

关键词: HIV; 侵袭性牙周炎; 正畸治疗; 牙周组织再生术; 微生物组

DOI: 10.64216/3104-9656.25.02.005

引言

侵袭性牙周炎 (AgP) 是一种发生于系统健康年轻个体的、快速进展的牙周组织破坏性疾病, 其病因与特定微生物的富集及宿主免疫反应异常密切相关^[1]。HIV 感染导致患者获得性免疫功能缺陷, 不仅增加了机会性感染的风险, 也显著改变了口腔微生态, 使得 HIV 阳性患者罹患牙周炎的风险增高、病情更复杂、进展更迅速^[2]。

传统的牙周治疗 (如龈上洁治、龈下刮治和根面平整) 虽能有效控制炎症, 但对于已形成的复杂牙周骨缺损及因牙齿错位、拥挤导致的菌斑滞留区, 其长期疗效常受限。正畸治疗通过排齐牙齿、消除创伤性咬合, 有助于改善口腔卫生环境; 而牙周组织再生术 (GTR) 则旨在恢复因牙周炎丧失的牙槽骨和牙周附着。理论上, 三者结合可为复杂牙周病例提供更全面的解决方案。

近年来, 随着高效抗逆转录病毒治疗 (HAART) 的普及, HIV 感染者的免疫功能得以重建, 寿命延长, 这使得进行复杂的口腔综合治疗成为可能。然而, 关于正畸、GTR 与牙周治疗联合应用于 HIV 感染 AgP 患者, 其对牙周这一特殊微环境下的微生物群落影响如何, 目前

研究尚少。本研究旨在通过分析联合治疗方案前后患者牙周临床指标及龈下微生物的变化, 评估该综合疗法的临床及微生物学效果, 为该类特殊人群的牙周综合治疗提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 研究对象

选取 2021 年 1 月至 2023 年 6 月我院口腔科收治的 HIV 阳性 AgP 患者 40 例。

1.1.1 纳入标准

(1) 经疾控中心确诊为 HIV 感染, 并接受 HAART 治疗 ≥ 6 个月, 近期 (3 个月内) 血浆病毒载量 $< 50 \text{ copies/mL}$, CD4+ T 淋巴细胞计数 $> 200 \text{ cells}/\mu\text{L}$ 。

(2) 符合侵袭性牙周炎诊断标准。

(3) 存在至少一颗牙的邻面骨缺损适合行 GTR 术。

(4) 存在前牙拥挤或散在间隙, 需正畸治疗。

1.1.2 排除标准

(1) 近 3 个月内使用过抗生素或接受过牙周治疗。

(2) 患有其他严重影响免疫功能的疾病。

(3) 妊娠或哺乳期妇女。

(4) 严重吸烟史(>10支/天)。

将患者随机分为联合治疗组与单纯牙周治疗组，每组20例。本研究经我院伦理委员会批准，所有患者均签署知情同意书。

1.2 治疗方法

(1) 单纯牙周治疗组：进行全面的牙周基础治疗（超声龈上洁治、龈下刮治和根面平整），并对深牙周袋进行必要的牙周翻瓣术。

(2) 联合治疗组：在完成牙周基础治疗、牙周炎症基本控制后，进行固定正畸治疗，排齐牙列，调整咬合关系。在正畸治疗过程中，对符合适应症的牙周骨缺损择期行GTR术（使用Bio-Oss®骨粉与Bio-Gide®胶原膜）。

1.3 临床指标检测

于治疗前(T0)及治疗后6个月(T1)由同一名不知分组情况的医师进行牙周检查：牙周探诊深度(PD)、临床附着丧失(CAL)、龈沟出血指数(SBI)。

1.4 微生物样本采集与检测

表1：两组患者治疗前后牙周临床指标比较($\bar{x} \pm s$)

组别	时间点	指标		
		牙周探诊深度(PD, mm)	临床附着丧失(CAL, mm)	龈沟出血指数(SBI)
联合治疗组(n=20)	治疗前	6.85 ± 0.92	7.10 ± 1.05	3.85 ± 0.55
	治疗后6个月	2.95 ± 0.48**##	3.65 ± 0.60**##	1.25 ± 0.35**##
单纯牙周治疗组(n=20)	治疗前	6.75 ± 0.88	7.05 ± 0.98	3.80 ± 0.50
	治疗后6个月	3.80 ± 0.65**	4.75 ± 0.72**	1.90 ± 0.45**

注：与同组治疗前比较，**P < 0.01；与单纯牙周治疗组治疗后比较，##P < 0.01。

2.2 龈下微生物群落变化

16S rRNA测序分析显示，治疗前两组患者龈下菌群均以牙周致病菌为主。治疗后，两组患者的“红色复合

使用无菌刮治器采集各组患者同一目标位点(PD最深、拟行GTR术的位点)的龈下菌斑。样本立即置于-80°C超低温冰箱保存。采用16S rRNA基因V3-V4区引物进行PCR扩增，使用Illumina MiSeq平台进行高通量测序。生物信息学分析使用QIIME2和Silva数据库进行物种注释。

1.5 统计学分析

采用SPSS 26.0软件。计量资料以`均值±标准差`表示，组内比较采用配对t检验，组间比较采用独立样本t检验。计数资料采用 χ^2 检验。以P<0.05为差异有统计学意义。

2 结果

2.1 牙周临床指标比较

治疗前，两组患者的各项牙周临床指标(PD, CAL, SBI)无显著差异(P>0.05)。治疗后6个月，两组患者的各项指标均较治疗前显著改善(P<0.01)。但联合治疗组的PD、CAL和SBI的改善值均显著大于单纯牙周治疗组(P<0.05)，见表1。

表1：两组患者治疗前后牙周临床指标比较($\bar{x} \pm s$)

体”致病菌相对丰度均有所下降，但联合治疗组的下降幅度更为显著(P<0.05)。同时，联合治疗组中与健康相关的共生菌，如血链球菌的丰度显著上升。具体关键菌种变化见表2。

表2：治疗前后关键牙周微生物相对丰度变化(%, $\bar{x} \pm s$)

微生物种类	组别	治疗前	治疗后6个月
牙龈卟啉单胞菌	联合治疗组	8.5 ± 1.2	1.2 ± 0.3**##
	单纯牙周治疗组	8.3 ± 1.1	2.8 ± 0.6**
链球菌	联合治疗组	5.8 ± 0.9	0.9 ± 0.2**##
	单纯牙周治疗组	5.9 ± 0.8	2.1 ± 0.5**
齿垢密螺旋体	联合治疗组	4.2 ± 0.7	0.7 ± 0.1**##
	单纯牙周治疗组	4.1 ± 0.6	1.8 ± 0.4**
血链球菌(共生菌)	联合治疗组	0.5 ± 0.1	2.8 ± 0.5**##
	单纯牙周治疗组	0.6 ± 0.1	1.5 ± 0.3**

注：与同组治疗前比较，**P < 0.01；与单纯牙周治疗组治疗后比较，##P < 0.01。

3 讨论

本研究结果表明，对于 HAART 治疗有效的 HIV 感染 AgP 患者，正畸治疗联合 GTR 术的综合疗法，在改善牙周临床指标和调控龈下微生物群落方面，均优于单纯牙周治疗。

在临床指标方面，联合治疗组表现出更显著的 PD 减少、CAL 获得和 SBI 降低。这得益于正畸治疗消除了牙齿排列不齐导致的菌斑滞留区和创伤性咬合力，为牙周组织创造了良好的生物学环境^[3]。而 GTR 术则直接针对骨缺损，促进了牙周支持组织的再生与重建，两者协同作用，实现了牙周结构与功能的双重改善。

在微生物学层面，本研究通过高通量测序技术揭示了联合疗法的深层优势。治疗后，联合治疗组中“红色复合体”核心致病菌的丰度降至接近健康水平的范围，而代表健康微生态的血链球菌等共生菌显著回升。这一变化可能源于：1) 正畸排齐牙齿后，患者的口腔自洁效率和菌斑控制能力提高，从根本上减少了致病菌的“避难所”；2) GTR 术在修复骨缺损的同时，也重建了正常的牙周解剖形态，使得龈下微环境不再利于厌氧致病菌的定植。这与近年的研究观点相符，即牙周治疗的目标不仅是消除病原体，更是要重建一个能够抵抗病原体定植的宿主微环境^[4]。

对于 HIV 感染者这一特殊群体，其本身存在免疫缺陷和口腔微生态失衡的风险。本研究证实，在病毒载量受控的前提下，积极的、多学科联合的牙周干预不仅是安全的，而且能更有效地将其失调的牙周微生态“重置”向健康状态，这对于防止牙周炎复发、维持长期疗效具有重要意义。

4 结论

综上所述，正畸治疗联合牙周组织再生术的综合治

疗方案，能够显著改善 HIV 感染的侵袭性牙周炎患者的牙周临床状况，并有效优化其龈下微生物群落结构，降低致病菌比例，提升共生菌水平。该联合策略为治疗此类复杂牙周病患者提供了一种新的、有效的临床思路。本研究的局限性在于样本量较小且观察时间较短，其长期疗效及稳定性有待更大样本、更长随访期的研究进一步验证。

参考文献

- [1] Papapanou PN, et al. Periodontitis: Consensus report of workgroup 2 of the 2017 World Workshop on the Classification of Periodontal and Peri-Implant Diseases and Conditions. *J Periodontol.* 2018;89 Suppl 1:S173–S182.
- [2] Li Y, et al. The Oral Microbiome of Patients with HIV-Associated Periodontitis: A Systematic Review and Meta-Analysis. *AIDS Res Hum Retroviruses.* 2022;38(5):359–370.
- [3] Sun J, et al. Combined orthodontic-periodontal treatment in periodontal patients with pathologic tooth migration: a systematic review. *Clin Oral Investig.* 2021;25(5):2479–2492.
- [4] Hajishengallis G. Interconnection of periodontal disease and comorbidities: Evidence, mechanisms, and implications. *Periodontol 2000.* 2022;89(1):9–18.

项目信息：本文系 2025 年度长沙市哲学社会科学规划课题阶段性成果，项目名称：正畸治疗联合牙周组织再生术对 HIV 感染的侵袭性牙周炎患者牙周微生物的影响。