



Morten Enersen, Ingar Olsen og Dominique A. Caugant

Genetiske analyser av bakterien *Porphyromonas gingivalis* fra periodontitt

Mikrobiologisk forskning på patogene bakterier foregår nå for en stor del på DNA-nivå, i studier av genvariasjon av forskjellige typer gener, både virulensgener og «husholdningsgener» (gener som er nødvendige for at bakteriecellen skal overleve). Hensikten er å forsøke å finne ut om enkelte kloner (aseksuelle avkom av enkeltceller) av den enkelte art er mer virulente enn andre.

Fimbrier (klebetråder) er en viktig virulensfaktor hos patogene bakterier ved at de forsterker festet av bakteriecellen til vertsceller og andre bakterier. *Porphyromonas gingivalis* er en av de viktigste periopogene bakteriene vi kjenner. Den har en rekke potente virulensfaktorer. Bakteriens evne til å danne fimbrier på celleoverflaten er viktig for at de andre virulensfaktorene skal kunne få virke på omliggende celler. *fimA*-genet i bakterien koder for dannelsen av fimbrieprotein (FIMA). Det finnes bare i en utgave i bakteriens arveanlegg og er karakterisert i seks typer (type I, II, III, IV, V og Ib) basert på variasjon i genets basesevens. I tidligere undersøkelser fra klinisk materiale er det funnet å være høyest prevalens av *P. gingivalis* med type II og type IV *fimA*-gen i lommer med periodontal infeksjon. Samtidig

har man funnet genotype I og III hos bakterier fra friske lommer.

I en nylig publisert studie (1) har vi undersøkt forekomsten av *fimA* genotyper hos 82 dyrkede isolater av *P. gingivalis* fra pasienter med kronisk marginal periodontitt, samlet fra fire kontinenter (Nord-Amerika, Europa, Afrika og Asia). *fimA* genet i hvert isolat ble analysert ved hjelp av polymerasekjedereaksjonen (PCR) med spesifikke «primer»-sett for hver genotype. Materialet ble også undersøkt ved hjelp av multilokus gensekvensering (MLST), en moderne typingsmetode for patogene mikrober som angir sekvens-typen (STs) av de enkelte isolater, og er en måte å identifisere enkelte kloner på (1, 2). Forekomsten av forskjellige STs ble sammenholdt med forekomsten av *fimA*-genotyper. Materialet bestod av stammer med stor genetisk diversitet, og blant de 82 isolatene fant man hele 69 forskjellige STs.

Undersøkelsen viste at det på verdensbasis er høyest prevalens av type II og type IV *fimA*-genotyper i isolater fra syke seter (periodontitt) hvor genotype II fantes i 34,1 % og genotype IV i 20,7 %. Bare isolater med nær beslektede STs viste seg å ha samme *fimA* genotype. 25,6 % av de undersøkte *P. gingivalis*-isolatene viste ved polymerasekjede-reaksjon å reagere med

flere *fimA* «primer»-sett, hvor de hyppigste kombinasjonene var type I, Ib, II og type I, II.

Nylig avsluttede studier hos oss indikerer at *P. gingivalis* overfører «husholdningsgener» seg imellom i periodontalommen (3). Dette betyr at overføring av virulens-assosierte elementer også kan forekomme i den subgingivale biofilmen.

Litteratur

1. Enersen M, Olsen I, Kvalheim Ø, Caugant DA. *fimA* genotypes and multilocus sequence types of *Porphyromonas gingivalis* from patients with periodontitis. *J Clin Microbiol* 2008; 46: 31–42.
2. Enersen M, Olsen I, Caugant DA. Multilocus sequence typing of *Porphyromonas gingivalis* strains from different geographic regions. *J Clin Microbiol* 2006; 44: 35–41.
3. Enersen M, Olsen I, Caugant DA. Genetic diversity of *Porphyromonas gingivalis* recovered from single «refractory» periodontitis sites. Innsendt for publikasjon.

Adresse: Morten Enersen, Institutt for oral biologi, postboks 1052 Blindern, 0316 Oslo.
E-post: morteene@odont.uio.no