

CGI-BP 3 个量表评分总和的下降程度 > 75%；显著：HAMD-17、BRMS、CGI-BP 3 个量表评分总和的下降程度为 > 50% ~ 75%；有效：HAMD-17、BRMS、CGI-BP 3 个量表评分总和的下降程度为 > 25% ~ 50%；无效：HAMD-17、BRMS、CGI-BP 3 个量表评分总和的下降程度 ≤ 25%。总有效 = (痊愈例数 + 显著例数 + 有效例数) / 总例数 × 100%。

1.5 统计学处理 采用 SPSS21.0 统计软件对数据进行统计分析。符合正态分布的计量资料以 $\bar{x} \pm s$ 表示，两组间比较采用 *t* 检验；计数资料以例数或百分率表示，两组间比较采用 χ^2 检验。等级资料比较采用秩和检验。以 $P < 0.05$ 为差异有统计学意义。

2 结果

2.1 两组治疗前后 HAMD-17、BRMS、CGI-BP 评分

表 1 两组治疗前后 HAMD-17、BRMS、CGI-BP 评分比较 ($\bar{x} \pm s$, 分)

组别	n	HAMD-17 评分		BRMS 评分		CGI-BP 评分	
		治疗前	治疗后	治疗前	治疗后	治疗前	治疗后
试验组	60	30.64 ± 4.25	9.83 ± 3.16 ^a	28.60 ± 5.33	17.37 ± 2.51 ^a	6.26 ± 1.32	2.03 ± 0.68 ^a
对照组	60	31.53 ± 3.91	14.24 ± 3.28 ^a	29.21 ± 4.81 ^a	21.08 ± 3.34 ^a	6.31 ± 1.43	3.52 ± 0.88 ^a
<i>t</i>		-1.194	-7.500	-0.658	-6.878	-0.199	-10.378
<i>P</i>		0.235	<0.001	0.512	<0.001	0.843	<0.001

注：与同组治疗前比较，^a $P < 0.05$ 。

表 2 两组治疗前后 DA、5-HT、NPSR1、SP、BDNF 水平比较 ($\bar{x} \pm s$)

组别	n	DA(ng/mL)		5-HT(ng/L)	
		治疗前	治疗后	治疗前	治疗后
试验组	60	233.42 ± 12.12	132.75 ± 9.87 ^a	147.31 ± 9.28	223.54 ± 11.96 ^a
对照组	60	229.83 ± 11.64	158.67 ± 10.44 ^a	145.61 ± 9.46	210.86 ± 10.84 ^a
<i>t</i>		1.655	-13.975	0.994	6.085
<i>P</i>		0.101	<0.001	0.322	<0.001

组别	n	NPSR1(pg/mL)		SP(pg/mL)		BDNF(ng/L)	
		治疗前	治疗后	治疗前	治疗后	治疗前	治疗后
试验组	60	160.36 ± 41.34	195.73 ± 36.62 ^a	35.97 ± 4.78	77.98 ± 6.32 ^a	20.74 ± 3.59	31.58 ± 5.31 ^a
对照组	60	161.19 ± 43.54	174.29 ± 38.53 ^a	36.58 ± 4.69	61.44 ± 6.83 ^a	19.68 ± 4.15	25.97 ± 5.12 ^a
<i>t</i>		-0.107	3.124	-0.706	13.768	1.496	5.891
<i>P</i>		0.915	0.002	0.482	<0.001	0.137	<0.001

注：与同组治疗前比较，^a $P < 0.05$ 。

表 3 两组治疗前后肠道菌群数量比较 ($\bar{x} \pm s$, lg CFU/g)

组别	n	肠杆菌		双歧杆菌		乳酸杆菌		B/E 值	
		治疗前	治疗后	治疗前	治疗后	治疗前	治疗后	治疗前	治疗后
试验组	60	8.36 ± 0.68	7.85 ± 0.54	8.27 ± 0.65	8.99 ± 0.74	6.51 ± 0.47	7.17 ± 0.56	0.98 ± 0.11	1.15 ± 0.17
对照组	60	8.38 ± 0.46	8.13 ± 0.47	8.24 ± 0.83	8.45 ± 0.63	6.49 ± 0.38	6.85 ± 0.51	0.96 ± 0.16	1.00 ± 0.13
<i>t</i>		-0.189	-3.030	0.220	4.304	0.256	3.273	0.798	5.430
<i>P</i>		0.851	0.003	0.826	<0.001	0.798	0.001	0.427	<0.001

比较 治疗后，两组 CGI-BP、BRMS、HAMD-17 评分均明显降低 ($P < 0.05$)，试验组 HAMD-17、BRMS、CGI-BP 评分明显低于对照组 ($P < 0.05$)。见表 1。

2.2 两组治疗前后血清 DA、5-HT、NPSR1、SP、BDNF 水平比较 治疗后，两组血清 DA 水平降低，血清 5-HT、NPSR1、SP、BDNF 水平均升高，且试验组血清 DA 水平低于对照组，血清 5-HT、NPSR1、SP、BDNF 水平高于对照组，差异均有统计学意义 ($P < 0.05$)。见表 2。

2.3 两组治疗前后肠道菌群比较 治疗后，试验组肠杆菌数量少于对照组 ($P < 0.05$)，双歧杆菌、乳酸杆菌及 B/E 值高于对照组 ($P < 0.05$)。见表 3。

2.4 两组临床疗效比较 试验组临床疗效优于对照组 ($Z = 2.574, P < 0.05$)。见表 4。

表 4 两组临床疗效比较[n(%)]

组别	n	痊愈	显效	有效	无效	总有效
试验组	60	16(26.67)	24(40.00)	18(30.00)	2(3.33)	58(96.67)
对照组	60	10(16.67)	20(33.33)	14(23.33)	16(26.67)	44(76.67)

3 讨论

双相情感障碍发病频率高、复发率高而且容易有自残和自杀的风险。该病是一种慢性精神疾病,易导致患者心理压力增大,其症状是躁狂、轻狂躁和抑郁的交替或交织发作。世界卫生组织调查显示,双相情感障碍可导致患者功能性认知障碍和生活质量下降,该病被列为对工作影响第 2 大的疾病^[14-15]。有研究发现,双相情感障碍患者体内拟杆菌属的数量明显减少,球菌门的整体数量明显增加^[16-17],提示双相情感障碍患者体内存在肠道菌群的变化。因此,有研究者尝试运用益生菌治疗以改善患者双相情感障碍的症状。一项动物研究发现,在抑郁模型小鼠体内注入双歧杆菌,能改善小鼠抑郁状态^[18]。同样有临床研究发现,双相情感障碍患者在双歧杆菌治疗之下,其再住院率明显降低^[19]。由此可知,基于脑-肠轴途径,肠道菌群能够影响人类情绪,同时提示临床可以通过肠道菌群的平衡来调节情绪从而改善双相情感障碍的症状。益生元作为肠道微生物的优选食物来源,能显著促进益生菌生长,通过选择性刺激这些有益菌群的增殖,优化肠道微生态环境,提高益生菌在肠道中的定植率和存活率^[20]。在本研究中,治疗 8 周后,两组 CGI-BP、BRMS、HAMD-17 评分均明显降低($P < 0.05$),且试验组 CGI-BP、BRMS、HAMD-17 评分均低于对照组($P < 0.05$);试验组肠杆菌数量少于对照组($P < 0.05$),乳酸杆菌、双歧杆菌和 B/E 比值均高于对照组($P < 0.05$)。这表明试验组采用益生元辅助治疗双相情感障碍患者能够有效调节肠道菌群数量,明显减轻症状。

在脑-肠轴途径中,肠道菌群通过产生或调节神经递质(如血清素、DA)、炎症因子、短链脂肪酸(SCFAs)等方式,通过血液循环或直接作用于迷走神经等途径,与中枢神经系统相互作用,进而影响大脑功能,调节情绪和行为^[21]。奥氮平的作用机制是通过拮抗多巴胺 D2 受体和 5-HT2A 受体来发挥作用,有助于改善精神分裂症和双相情感障碍的症状,对于中、重度的躁狂发作有较好的治疗意义;同时其能够预防双相情感障碍的复发。奥氮平通过拮抗多巴胺 D2 受体和 5-HT2A 受体,减少这些神经递质的作用,从而控制患者的躁狂症状。神经递质中 DA 主要由大脑中的神经元产生,其高表达可引起冲动、躁动等表现;5-HT 不仅可在肠道中产生,还在大脑中发挥关键作用,调节情绪和行为^[22],当 5-HT 的水平降低时,可能导

致大脑和胃肠之间的通信出现问题,进而影响情绪调节和行为控制,容易导致攻击性行为甚至暴力行为的发生^[23]。而益生元很难被人体内的酶分解,往往被肠道微生物分解为 SCFAs,在中枢神经系统中,SCFAs 作为信号分子可以影响神经胶质细胞的功能,同时益生元和益生菌能够提高脑部的抗炎能力和增强抗氧化酶的活性,促进神经营养因子的表达,有助于维护神经系统的正常功能^[24],通过调节神经营养因子、 γ -氨基丁酸(GABA)和 5-HT 的分泌^[25],进而起到调节人类情绪的目的。SP 参与调节胃肠运动和感觉功能,与抑郁症的发病机制有关^[26]。服用益生元后,肠道内的菌群平衡得到了改善,益生菌增加,同时减少了有害菌的数量,导致 SP 水平的增加,进而更有效地调节胃肠功能^[20]。通过脑-肠轴的双向调节作用间接影响中枢神经系统与情绪调控的相关区域,从而有助于调节双相情感障碍患者的情绪,减轻其躁狂和抑郁症状^[21]。NPSR1 由胃肠道细胞分泌,对炎症及伤害性刺激等调节有重要意义。益生元通过优化肠道菌群,减少了有害菌的数量,减轻了肠道炎症,这可能有利于维持 NPSR1 的正常分泌^[27]。NPSR1 的正常分泌对于维持胃肠道稳态至关重要,其水平的升高有助于减轻因胃肠道功能异常而导致的餐后饱胀、失眠、焦虑等问题,进而有助于双相情感障碍患者的情绪稳定^[28]。神经递质 BDNF 可以维持神经元的正常功能,还参与胃肠道动力的调节^[29]。益生元通过促进肠道健康,调节肠道微生物群,进而可能通过影响宿主的表观遗传状态(如 DNA 甲基化、组蛋白修饰等)来调控 BDNF 基因的表达,使 BDNF 水平升高,从而在一定程度上改善了双相情感障碍患者的神经递质平衡,促进其症状的缓解^[30]。在本研究中,治疗 8 周后试验组血清 DA 水平明显低于对照组($P < 0.05$),血清 5-HT、NPSR1、SP、BDNF 水平明显高于对照组($P < 0.05$),试验组临床有效率高于对照组($P < 0.05$)。这表明试验组益生元辅助治疗可有效调节双相情感障碍患者神经递质的释放,而且具有更好的临床疗效。目前许多研究已经证实了肠道菌群会对宿主中枢神经系统产生影响,随着实验技术逐渐成熟,或许未来可以将该方法用于临床治疗如阿尔茨海默病、抑郁症、精神分裂症等疾病。

综上所述,双相情感障碍会引起肠道菌群异常改变,而肠道菌群的组成和数量的平衡与机体健康密切相关,其若出现改变还会导致神经系统功能异常,引

起病情加重。采用益生元辅助治疗双相情感障碍,能有效调节肠道菌群和神经递质,使患者的病情得到较好的控制和改善,具有良好的临床疗效,值得临床推广。

参考文献

[1] 黄桥生,蔡楚兰,徐止浩,等. 清神醒脑汤联合丙戊酸镁缓释片治疗双相情感障碍躁狂发作疗效及对认知功能及炎性因子的影响[J]. 中华中医药学刊, 2019, 37(1): 166-169.

[2] 王晓利. 碳酸锂联合喹硫平对双相情感障碍患者执行力及记忆力水平的影响[J]. 黑龙江中医药, 2021, 50(4): 141-142.

[3] 陶伟伟,董宇,刘立,等. 基于“脑-肠”轴的肠道菌群影响抑郁症研究进展[J]. 南京中医药大学学报, 2019, 35(2): 234-240.

[4] 莫子晴,蔡皓,段煜,等. 肠道菌群和中药及二者结合在抗抑郁领域的研究进展[J]. 中国药房, 2020, 31(23): 2918-2923.

[5] DE VADDER F, GRASSET E, MANNERÅS H L, et al. Gut microbiota regulates maturation of the adult enteric nervous system via enteric serotonin networks[J]. Proc Natl Acad Sci U S A, 2018, 115(25): 6458-6463.

[6] 郑少君,王志仁,王永前,等. 益生菌防治抑郁症的研究进展[J]. 国际精神病学杂志, 2019, 46(1): 24-26.

[7] 王凯新,董晓梦,苏毅鹏,等. 肠道菌群与抑郁症关系的研究进展[J]. 吉林大学学报(医学版), 2022, 48(4): 1094-1100.

[8] ROSEN N E, LORD C, VOLKMAR F R. The diagnosis of autism: from kanner to DSM-III to DSM-5 and beyond[J]. J Autism Dev Disord, 2021, 51(12): 4253-4270.

[9] 王福彦. 利培酮与齐拉西酮联合碳酸锂治疗双相情感障碍躁狂发作的疗效[J]. 临床医学研究与实践, 2018, 3(25): 23-24.

[10] 谢珊珊,叶猛飞,何月敏,等. 基于脑-肠轴途径探讨疏肝和胃汤对肝郁脾虚型抑郁症的治疗效果[J]. 中华中医药学刊, 2023, 41(9): 251-254.

[11] 温柏玲. 奥氮平联合碳酸锂治疗双相情感障碍躁狂发作的临床观察[J]. 中外医学研究, 2020, 18(2): 168-170.

[12] 李辉,陈彦华,万燕平. 探讨齐拉西酮联合碳酸锂治疗双相情感障碍躁狂发作的临床疗效[J]. 中国全科医学, 2020, 23(S1): 125-127.

[13] 王西建,李琨,焦宁波,等. 艾司西酞普兰联合解郁安神颗粒治疗抑郁症的效果及对患者血清 IL-2、IL-6、TNF- α 、Hcy 水平的影响[J]. 现代生物医学进展, 2018, 18(24): 4790-4793.

[14] 黄珍,门奕年,雷超芳,等. 基于“阴平阳秘”理论探讨肠道微生物对双相情感障碍的影响[J]. 中华中医药杂志, 2023, 38(7): 3388-3391.

[15] 张华,王斌,付佳佳,等. 喹硫平联合碳酸锂治疗青少年双

相情感障碍 I 型躁狂相的疗效及对患者认知功能和生活质量的影响[J]. 新乡医学院学报, 2023, 40(9): 840-845.

[16] BUTLER M I, MÖRKL S, SANDHU K V, et al. The gut microbiome and mental health: what should we tell our patients[J]. Can J Psychiatry, 2019, 64(11): 747-760.

[17] PAINOLD A, MÖRKL S, KASHOFER K, et al. A step ahead: exploring the gut microbiota in inpatients with bipolar disorder during a depressive episode[J]. Bipolar Disord, 2019, 21(1): 40-49.

[18] ZHU H Z, LIANG Y D, MA Q Y, et al. Xiaoyaosan improves depressive like behavior in rats with chronic immobilization stress through modulation of the gut microbiota[J]. Biomed Pharmacother, 2019, 112: 108621.

[19] DICKERSON F, ADAMOS M, KATSAFANAS E, et al. Adjunctive probiotic microorganisms to prevent rehospitalization in patients with acute mania: a randomized controlled trial[J]. Bipolar Disord, 2018, 20(7): 614-621.

[20] 薄春燕,万芳,楚金申,等. 菊粉型益生元对 2 型糖尿病患者免疫细胞和炎症因子的调理作用[J]. 检验医学与临床, 2023, 20(23): 3445-3448.

[21] 李沁芮,韩颖,杜军保,等. 肠道菌群与神经精神系统疾病研究进展[J]. 生理科学进展, 2016, 47(5): 365-368.

[22] 郭子涵,赵娜,王彬,等. 色氨酸及其代谢产物在动物肠-脑轴中的作用研究进展[J]. 中国畜牧杂志, 2021, 57(9): 15-21.

[23] 高海波,王刚,陈莎莎,等. DA、5-HT、Cor、ACTH、T₃ 对双相情感障碍躁狂发作治疗效果的预测价值[J]. 解放军医药杂志, 2022, 34(4): 72-76.

[24] 武强强,王德华,张学英,等. 肠道菌群影响宿主的中枢神经系统和精神性疾病的研究进展[J]. 生理科学进展, 2022, 53(5): 396-400.

[25] 徐文龙,梁钰,李丽华,等. 天然活性成分改善睡眠的效果、作用机制及其生物评价模型[J]. 中国食品添加剂, 2024, 35(2): 16-25.

[26] 刁亮,梁伟,张永峰. NF- κ B 信号通路抑制剂对 P 物质作用后脊髓星形胶质细胞 GFAP、炎症因子表达的影响[J]. 山东医药, 2017, 57(44): 45-47.

[27] 高宏. 功能性消化不良患者血浆中 NPSR1、CGRP 及 IL-6 的表达水平及临床意义[J/CD]. 中国医学前沿杂志(电子版), 2016, 8(8): 57-59.

[28] 郭令飞,徐明兴,葛华,等. 香砂六君子汤合半夏泻心汤对老年功能性消化不良(脾虚气滞型)患者胃肠动力及血清 IL-6、CGRP、NPSR1 水平的影响[J]. 中药材, 2019, 42(10): 2440-2444.

[29] 焦黛妍,孙建华. 脑源性神经营养因子在肠道高敏感中的研究进展[J]. 胃肠病学, 2014, 19(2): 121-123.

[30] 何力,杨力,凌志维,等. 基于脑肠交互机制探讨肠道微生物调节 IBS-D 内脏高敏的研究进展[J]. 中国实验方剂学杂志, 2019, 25(11): 224-229.

• 论 著 • DOI:10.3969/j.issn.1672-9455.2024.21.023

慢性牙周炎患者血清 LncRNA DCST1-AS1 表达水平与炎症因子的关系及其临床意义*

张雪飞, 杨娅琨, 杨娜, 张玉杰, 胡永权

河北省石家庄市第二医院口腔科, 河北石家庄 050051

摘要:目的 探讨慢性牙周炎患者血清长链非编码 RNA(LncRNA)DCST1-AS1 表达水平与炎症因子的关系及其临床意义。**方法** 选取 2021 年 2 月至 2023 年 2 月该院收治的 142 例慢性牙周炎患者作为研究组, 根据牙周检查结果分为轻度组、中度组、重度组。另选取同期于该院体检, 且一般资料与研究组相匹配的 142 例无口腔疾病的健康者作为对照组。检测各组研究对象血清 LncRNA DCST1-AS1、白细胞介素(IL)-6、IL-10、基质金属蛋白酶-9(MMP-9)、肿瘤坏死因子- α (TNF- α)、IL-1 β 水平及牙周指标[菌斑指数(PLI)、牙龈指数(GI)、附着丧失(AL)及牙周袋探诊深度(PD)]。采用 Pearson 相关分析慢性牙周炎患者血清 LncRNA DCST1-AS1 与炎症因子 IL-6、IL-10、MMP-9、TNF- α 、IL-1 β 表达水平及各牙周指标的相关性, 采用受试者工作特征(ROC)曲线分析血清 LncRNA DCST1-AS1 联合炎症因子对重度慢性牙周炎的诊断价值。**结果** 研究组血清 LncRNA DCST1-AS1 及 IL-6、IL-10、MMP-9、TNF- α 、IL-1 β 表达水平均高于对照组($P < 0.05$); 不同病情严重程度的慢性牙周炎患者 PLI、GI、AL、PD、血清 LncRNA DCST1-AS1 及炎症因子表达水平比较, 差异均有统计学意义($P < 0.05$)。慢性牙周炎患者血清 LncRNA DCST1-AS1 表达水平与 IL-6、IL-10、MMP-9、TNF- α 、IL-1 β 表达水平及 PLI、GI、AL、PD 均呈正相关($r = 0.774, 0.728, 0.801, 0.772, 0.669, 0.564, 0.498, 0.603, 0.587, P < 0.05$)。血清 LncRNA DCST1-AS1 诊断重度慢性牙周炎的曲线下面积(AUC)为 0.745(95%CI: 0.665~0.815), LncRNA DCST1-AS1 联合炎症因子诊断的 AUC[0.981(95%CI: 0.943~0.997)]大于血清 LncRNA DCST1-AS1 单独诊断, 且联合诊断的特异度也高于血清 LncRNA DCST1-AS1 单独诊断。**结论** 慢性牙周炎患者血清 LncRNA DCST1-AS1 表达水平与炎症因子相关, 血清 LncRNA DCST1-AS1 联合炎症因子对重度慢性牙周炎具有较高的诊断价值。

关键词:慢性牙周炎; 长链非编码 RNA DCST1-AS1; 白细胞介素-6; 白细胞介素-10; 基质金属蛋白酶-9; 肿瘤坏死因子- α ; 白细胞介素-1 β

中图法分类号: R781.4+2; R446.1

文献标志码: A

文章编号: 1672-9455(2024)21-3215-06

Relationship between serum LncRNA DCST1-AS1 expression level and inflammatory factors in patients with chronic periodontitis and its clinical significance*

ZHANG Xuefei, YANG Yakun, YANG Na, ZHANG Yujie, HU Yongquan

Department of Stomatology, Second Hospital of Shijiazhuang, Shijiazhuang, Hebei 050051, China

Abstract: Objective To investigate the relationship between serum long chain non-coding RNA (LncRNA) DCST1-AS1 expression level and inflammatory factors in patients with chronic periodontitis and its clinical significance. **Methods** A total of 142 patients with chronic periodontitis admitted to the hospital from February 2021 to February 2023 were selected as the study group, which were divided into mild, moderate and severe groups according to the results of periodontal examination. Another 142 healthy individuals without oral diseases were selected as the control group. Serum LncRNA DCST1-AS1, interleukin (IL)-6, IL-10, matrix metalloproteinase-9 (MMP-9), tumor necrosis factor- α (TNF- α), IL-1 β levels and periodontal indicators [plaque index (PLI), gingival index (GI), attachment loss (AL), periodontal pocket probing depth (PD)] were detected in each group of study subjects. Pearson correlation was used to analyze the correlation between serum LncRNA DCST1-AS1 and the expression levels of IL-6, IL-10, MMP-9, TNF- α , IL-1 β and various periodontal indicators in patients with chronic periodontitis. Receiver operating characteristic (ROC) curve analysis was plotting to evaluate the diagnostic value of serum LncRNA DCST1-AS1 combined with inflammatory factors for severe chronic periodontitis. **Results** The expression levels of serum LncRNA DCST1-AS1 and IL-6,

* 基金项目: 河北省石家庄市科技计划项目(221460823)。

作者简介: 张雪飞, 女, 主治医师, 主要从事儿童口腔医学研究。

IL-10, MMP-9, TNF- α , IL-1 β were higher in the study group than those in the control group ($P < 0.05$). The PLI, GI, AL, PD, the levels of serum LncRNA DCST1-AS1 and inflammatory factor expression levels among chronic periodontitis patients with varying severity were statistically significant ($P < 0.05$). Serum expression level of LncRNA DCST1-AS1 in patients with chronic periodontitis was positively correlated with the expression levels of IL-6, IL-10, MMP-9, TNF- α , IL-1 β , PLI, GI, AL, and PD ($r = 0.774, 0.728, 0.801, 0.772, 0.669, 0.564, 0.498, 0.603, 0.587, P < 0.05$). The area under the curve (AUC) of serum LncRNA DCST1-AS1 for the diagnosis of severe chronic periodontitis was 0.745 (95%CI: 0.665–0.815). The AUC for the combination of LncRNA DCST1-AS1 and inflammatory factors was 0.981 (95%CI: 0.943–0.997), which was greater than that for serum LncRNA DCST1-AS1 alone, and the specificity of the combined diagnosis was also higher than that of serum LncRNA DCST1-AS1 alone. **Conclusion** The expression level of serum LncRNA DCST1-AS1 in patients with chronic periodontitis is correlated with inflammatory factors. The combination of serum LncRNA DCST1-AS1 and inflammatory factors has high diagnostic value for severe chronic periodontitis.

Key words: chronic periodontitis; long non-coding RNA DCST1-AS1; interleukin-6; interleukin-10; matrix metalloproteinase-9; tumor necrosis factor- α ; interleukin-1 β

慢性牙周炎属于临床上最为常见的牙周炎类型,占牙周疾病的 95%^[1]。慢性牙周炎会损伤牙龈、牙骨质、牙槽骨等组织,患者常出现牙龈红肿、出血、牙周附着丧失,严重者还会发生牙齿松动、脱落等^[2-3]。目前临床诊断该病所使用的炎症因子容易受到药物、其他炎症性疾病等的影响,诊断准确率较低,因此寻找能够辅助临床准确诊断及评估的指标,对慢性牙周炎治疗方案的制订、治疗效果的提升具有重要意义。长链非编码 RNA(LncRNA)是一类长度超过 200 个核苷酸的 RNA,在机体各组织、系统中广泛表达,能够参与调控炎症、心血管系统疾病等的发生及病情发展过程^[4]。研究表明,牙周炎患者牙龈组织中存在 LncRNA,其与慢性牙周炎的发生具有一定相关性^[5-6]。WANG 等^[7]研究表明,LncRNA DCST1-AS1 与牙周膜细胞增殖、分化过程有关。基于此,本研究检测了慢性牙周炎患者血清 LncRNA DCST1-AS1 表达水平,并探讨了 LncRNA DCST1-AS1 与白细胞介素(IL)-6、IL-10、基质金属蛋白酶-9(MMP-9)、肿瘤坏死因子- α (TNF- α)、IL-1 β 等炎症因子的相关性,探讨

LncRNA DCST1-AS1 对慢性牙周炎病情严重程度的诊断价值,以辅助临床判断慢性牙周炎严重程度,提高临床诊断准确率,从而给予更有针对性的治疗,改善治疗效果及患者的预后。

1 资料与方法

1.1 一般资料 选取 2021 年 2 月至 2023 年 2 月本院收治的 142 例慢性牙周炎患者作为研究组,患者年龄 20~70 岁,平均(53.97 \pm 5.47)岁。纳入标准:符合慢性牙周炎的诊断标准^[8]。排除标准:(1)伴有其他口腔疾病;(2)合并其他基础疾病;(3)入组前 3 个月内使用抗菌药物;(4)伴有其他炎症性疾病;(5)合并重要器官功能障碍者。另选取同期于本院体检,且一般资料与研究组相匹配的 142 例无口腔疾病的健康者作为对照组。两组年龄、性别、体质量指数(BMI)、吸烟史等一般资料比较,差异均无统计学意义($P > 0.05$),见表 1。本研究经本院医学伦理委员会审批(221460823),患者及家属均同意参与研究并签署知情同意书。

表 1 两组一般资料比较($\bar{x} \pm s$ 或 n/n)

组别	<i>n</i>	年龄(岁)	性别(男/女)	BMI(kg/m ²)	吸烟史(有/无)	饮酒史(有/无)
对照组	142	52.72 \pm 4.39	74/68	22.87 \pm 2.13	72/70	82/60
研究组	142	53.97 \pm 5.47	89/53	23.09 \pm 2.57	104/38	85/57
<i>t</i> / χ^2		1.229	3.240	0.785	15.300	0.131
<i>P</i>		0.220	0.072	0.433	<0.001	0.718

1.2 方法

1.2.1 牙周检查 应用 Florida 探针及口腔 X 射片机(德国 KAVO 公司)对受试者近中颊侧、正中颊侧、远中颊侧、近中舌侧、正中舌侧和远中舌侧 6 个位点进行牙周检查,检查指标包括菌斑指数(PLI)、牙龈指数(GI)、附着丧失(AL)及牙周袋探诊深度(PD)。结

果为 6 个位点检查数据的均值。参照文献^[9]相关标准,将研究组患者分为轻度组、中度组、重度组。

1.2.2 血清 LncRNA DCST1-AS1 及炎症因子表达水平检测 采集所有研究对象入组时的空腹肘正中静脉血 5 mL,3 500 r/min 离心 5 min,收集上层血清,置于-80 °C 的冰箱中保存待检。血清炎症因子表