

Wissenschaftlicher
Artikel der
Europäischen
Gesellschaft für
Parodontologie

Zusammengefasst von:
Kuka, S., Duzenli, D, mit Yilmaz, S.

Institutionelle Zugehörigkeit:

Bearbeitet durch die Assistenzzahnärzte
des Postgraduiertenstudienprogramms
in Parodontologie, der Abteilung für
Parodontologie der zahnmedizinischen
Fakultät der Yeditepe Universität,
Istanbul, Türkei.

Link zum Originalartikel:
<http://onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1111/jcpe.12463/full>
(Bitte registrieren oder die EFP Login Daten verwenden)

 **Übersetzer:** Philip Bender
Weiterbildungsassistent in Parodontologie, Universität Bern,
Zahnmedizinische Kliniken, Klinik für Parodontologie, Bern, Schweiz.

Studie:



Das orale Mikrobiom chinesischer Patienten mit aggressiver Parodontitis und ihrer Familienmitglieder.

Li Y, Feng X, Xu L, Zhang L, Lu R, Shi D, Wang X, Chen F, Li J, Meng H.

JJ Clin Periodontol 2015;42 1015-1023.

Zusammenfassung des Originalartikels mit freundlicher Genehmigung von Wiley Online Library
Copyright © 1999-2014 John Wiley & Sons, Inc. Alle Rechte vorbehalten

Hintergrund:

Aggressive Parodontitis (AP) ist eine seltene Form entzündlicher Parodontalerkrankungen, die durch den schnellen Verlust von Zahnhalteapparat und Knochengewebe schon im jungen Alter gekennzeichnet ist. AP zeigt eine familiäre Häufung, die sich sowohl durch Genetik und Umweltfaktoren als auch durch intrafamiliäre Übertragung parodontopathogener Keime erklären lässt.

Nach dem Konsensus der Klassifikation parodontaler Erkrankungen von 1999 zeigen Patienten mit AP vermehrt eine Besiedlung von *Aggregatibacter actinomycetemcomitans* (Aa.) oder *Porphyromonas gingivalis* (Pg.) in verschiedenen Populationen. Es wurde allerdings berichtet, dass in bestimmten asiatischen Bevölkerungsgruppen mit AP Aa. nicht gefunden werden konnte.

Studienziele:

Ziel der Studie war es mit Hilfe der 16S rRNA Gen Pyrosequenzierungstechnik die Zusammensetzung des oralen Mikrobioms chinesischer Patienten mit AP zu analysieren und mit dem Mikrobiom Verwandter ersten Grades zu vergleichen.

Methoden:

Aus dem Speichel und dem subgingivalen Biofilm von 10 Patienten mit AP und 10 ihrer Verwandten ersten Grades wurde genomische DNA isoliert.

Anschließend wurde bakterielle 16S rRNA Genamplifikation und -sequenzierung von PCR Produkten durchgeführt.

Wissenschaftlicher
Artikel der
Europäischen
Gesellschaft für
Parodontologie

Results:

- Der ungewichtete UniFrac Abstand zwischen AP-Patienten und deren Verwandten ersten Grades war signifikant kleiner als zu nicht-verwandten Studienteilnehmern.
- Die relative Menge an Pg. und rotem Komplex im subgingivalen Biofilm war höher bei Patienten mit AP als bei ihren Verwandten ersten Grades.
- Die relative Menge an Pg. und rotem Komplex in Speichelproben von Patienten mit AP war vergleichbar mit der Menge bei ihren Verwandten ersten Grades.
- Die relative Menge an Pg. und rotem Komplex im subgingivalen Biofilm war höher als in den Speichelproben von Patienten mit AP und deren Verwandten ersten Grades
- Die relative Menge an Pg. und rotem Komplex in Speichelproben korrelierte stark mit der Menge im subgingivalen Biofilm bei jedem individuellen Patienten mit AP.

**Einschränkungen,
Schlussfolgerungen
und Fazit:****Einschränkungen:**

- Kleine Studienpopulation.
- Der Altersunterschied zwischen Patienten mit AP und deren Verwandten.

Schlussfolgerungen:

Es wurde eine vergleichbare phylogenetische Architektur des oralen Mikrobioms bei Patienten mit AP und deren Verwandter ersten Grades beobachtet was die Theorie einer Übertragung zwischen Familienmitgliedern unterstützt. Ausserdem könnte Pg. Der vorherrschende parodontopathogene Keim bei chinesischen Patienten mit AP sein.

Fazit:

Die Ergebnisse der Studie sind von entscheidender Bedeutung bei der Therapie und Prophylaxe chinesischer Patienten mit AP.