

Publicación científica
de la Federación
Europea de
Periodoncia



Traductora: Ana Molina Villar
Profesora universitaria en formación de
Periodoncia en la Facultad de Odontología
de la Universidad Complutense de Madrid

Relatores:

Kuka, S., Duzenli, D., con Yilmaz, S.

Link to Original JCP article:

<http://onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1111/jcpe.12463/full>
Acceso a través de la página web para miembros de la EFP:
<http://www.efp.org/members/jcp.php>

Afiliación:

Preparado por los residentes del
Programa Postgraduado de Periodoncia
del Departamento de Periodoncia,
Facultad de Odontología, Universidad
de Yeditepe, Estambul, Turquía.

Estudio:

Microbioma Oral en Pacientes Chinos con Periodontitis Agresiva y sus familiares.

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

J Clin Periodontol 2015:42 (11): 1015-1023.

Resumen del artículo original con el amable permiso de Wiley Online Library

Copyright © 1999-2014 John Wiley & Sons, Inc. Todos los derechos reservados

Antecedentes:

La periodontitis agresiva (PAG) es una forma poco frecuente de enfermedad periodontal inflamatoria caracterizada por rápida pérdida de inserción y destrucción de hueso alveolar que se observan a edad temprana. La PAG presenta agregación familiar, que puede explicarse por medio de factores genéticos y ambientales, junto con la transmisión intra-familiar de microorganismos periodontales infecciosos.

De acuerdo con el documento de consenso de la clasificación internacional de las enfermedades periodontales de 1999, los pacientes con PAG presentaban mayores proporciones de *Aggregatibacter actinomycetemcomitans* (Aa), o bien de *Porphyromonas gingivalis* (Pg) según las diferentes poblaciones. Sin embargo, ha sido reportado que en algunas poblaciones asiáticas de pacientes con PAG, no se pudo identificar la presencia de Aa.

Objetivos del estudio:

El objetivo de estudio fue demostrar la composición microbiana de pacientes chinos con PAG y comparar los perfiles bacterianos entre pacientes con PAG y sus familiares de primer grado de consanguinidad empleando la técnica de pirosecuenciación genética del ARNr 16S.

Métodos:

Se tomaron muestras de saliva y placa subgingival de 10 pacientes con PAG y 10 familiares de primer grado de consanguinidad con periodontitis crónica. Se aisló el ADN genómico de las muestras de saliva

y placa subgingival. Se llevó a cabo la amplificación de los genes del ARNr 16S bacteriano y la secuenciación de los productos de la PCR.

Resultados:

- La distancia unifrac no ponderada entre pacientes con PAg y los miembros de sus familias fue significativamente más baja que aquella entre participantes no relacionados.
- La abundancia relativa de Pg y patógenos del complejo rojo fue mayor en las muestras de placa subgingival de pacientes con PAg que en las de sus parientes de primer grado de consanguinidad.
- La abundancia relativa de Pg y patógenos del complejo rojo en muestras de saliva de pacientes con PAg fue similar a la de sus parientes de primer grado de consanguinidad.
- La abundancia relativa de Pg y patógenos del complejo rojo fue mayor en muestras de placa subgingival que en muestras de saliva tanto en pacientes con PAg como en sus parientes de primer grado de consanguinidad.
- La abundancia relativa de Pg y patógenos del complejo rojo en saliva mostró una fuerte correlación con los niveles en las muestras de placa subgingival para cada paciente con PAg.

**Limitaciones,
conclusiones
e impacto:****Limitaciones:**

- Pequeño tamaño muestral.
- Diferencia de edad entre los pacientes con PAg y sus familiares.

Conclusiones:

Se observó una arquitectura filogenética similar en la composición microbiana de pacientes con PAg y sus familiares de primer grado de consanguinidad, por lo cual se propuso que este hecho evidencia la transmisión microbiana entre miembros de una familia. Además, Pg puede ser el patógeno periodontal predominante en pacientes chinos con PAg.

Impacto:

Los hallazgos de este estudio son cruciales para el tratamiento y profilaxis de pacientes chinos con PAg.