

Comunicato
Scientifico della
Federazione Europea
di Parodontologia



Traduttore: Cosimo Loperfido
Clinical Teacher, Dipartimento di Parodontologia, Guy's, King's
and St. Thomas' Dental Institute, King's College, Londra.

Stesori:

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

Affiliazione:

Preparato dagli specializzandi del
Post-Graduate Program in
Parodontologia del Dipartimento
di Parodontologia, Facoltà di
Odontoiatria, Università di Yeditepe,
Istanbul, Turchia.

Per l'articolo originale clicchi il seguente link:

<http://onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1111/jcpe.12463/full>

Accesso tramite la pagina personale:

<http://www.efp.org/members/jcp.php>

Titolo:

Microbioma Orale in Pazienti Cinesi con Parodontite Aggressiva e i loro familiari.

Li, Y., Feng, X., Xu, L., Zhang, J., Lu, R., Shi, D., Wang, X., Chen, F., Li, J., Meng, H.
J Clin Periodontol 2015;42 (11) 1015-1023.

Riassunto dall'articolo originale per gentile concessione di Wiley Online Library

Copyright © 1999-2015 John Wiley & Sons, Inc. All Rights Reserved

Background:

La parodontite aggressiva (AgP) è una rara forma di malattia parodontale infiammatoria caratterizzata da una rapida perdita di attacco e da distruzione di osso alveolare che si osserva in giovane età. La AgP presenta una aggregazione familiare, che può essere spiegata da fattori genetici e ambientali insieme con una trasmissione intra-familiare dei micro-organismi infettivi parodontali.

Secondo il consensus report sulla classificazione delle malattie parodontali del 1999, i pazienti con AgP avevano una più alta percentuale di *Aggregatibacter actinomycetemcomitans* (Aa) o di *Porphyromonas gingivalis* (Pg) in base alle differenti popolazioni. Tuttavia è stato riportato che, in alcuni pazienti asiatici con AgP, non poteva essere identificata la presenza di Aa.

Scopo dello studio:

Lo scopo di questo studio era di dimostrare la composizione microbica dei pazienti cinesi con AgP e di paragonare il profilo batteriologico tra i pazienti con AgP e i loro consanguinei di primo grado utilizzando la tecnica di pirosequenziamento del gene 16S rRNA.

Metodi:

Campioni di saliva e placca sottogengivale sono stati prelevati da 10 pazienti con AgP e da 10 consanguinei di primo grado con parodontite cronica. Il DNA genomico è stato isolato dai campioni di saliva e placca sottogengivale.

E' stata eseguita una amplificazione del gene batterico 16S rRNA e una sequenziazione dei prodotti della PCR.

*Comunicato
Scientifico della
Federazione Europea
di Parodontologia*

Risultati:

- La distanza UniFrac non ponderata tra i pazienti con AgP e i loro familiari era significativamente più bassa che nei partecipanti non correlati.
- L'abbondanza relativa del Pg. e dei patogeni del complesso rosso nei campioni di placca sottogengivale dei pazienti con AgP era più alta di quella dei familiari consanguinei di primo grado.
- L'abbondanza relativa del Pg. e dei patogeni del complesso rosso nei campioni di saliva dei pazienti con AgP era simile a quella dei loro familiari consanguinei di primo grado.
- L'abbondanza relativa del Pg. e dei patogeni del complesso rosso nei campioni di placca sottogengivale era più alta di quella dei campioni salivari sia per i pazienti con AgP che per i loro familiari consanguinei di primo grado.
- L'abbondanza relativa del Pg. e dei patogeni del complesso rosso nella saliva mostrava una forte correlazione con i livelli nei campioni di placca sottogengivale di ciascun paziente con AgP.

**Limitazioni,
le conclusioni
e impatto:****Limiti:**

- Piccola dimensione del campione.
- Differenza di età tra i pazienti con AgP e i familiari.

Conclusioni:

La simile architettura filogenetica della composizione microbica dei pazienti con AgP e dei loro consanguinei di primo grado viene proposta come evidenza della trasmissione microbica tra i membri della famiglia. Inoltre il Pg. può essere il patogeno parodontale predominante nei pazienti cinesi con AgP.

Impatto:

I risultati di questo studio sono cruciali per il trattamento e la profilassi dei pazienti cinesi con AgP.