

Rückgang der subgingivalen Bakterienvielfalt bei Kindern mit Kappenschienen: eine Fall-Kontroll-Studie

E. Santiggl¹, B. Klug¹, G. Wimmer²

¹ Klinische Abteilung für Orale Chirurgie und Kieferorthopädie, Universitätsklinik für Zahnmedizin und Mundgesundheits, Medizinische Universität Graz, AUSTRIA

² Klinische Abteilung für Zahnerhaltung, Parodontologie und Zahnersatzkunde, Universitätsklinik für Zahnmedizin und Mundgesundheits, Medizinische Universität Graz, AUSTRIA
Kontakt: elisabeth.santiggl@medunigraz.at

Hintergrund & Zielsetzung

Es ist davon auszugehen, dass kieferorthopädische Apparaturen eine Verschiebung der bakteriellen Mikro-Ökologie im Mund bewirken. Die Einführung der Next Generation Sequencing Technologien (NGS) ermöglicht die Etablierung neuer diagnostischer Ansätze in der Parodontologie. Ziel der vorliegenden Arbeit war es, den Einfluss von Kappenschienen für die kieferorthopädische Oberkieferexpansion auf das subgingivale Mikrobiom von Kindern zu untersuchen.

Material und Methode

Das bakterielle Mikrobiom von 16 Kindern mit Kappenschienen im Wechselgebiss wurde einer unbehandelten Kontrollgruppe gegenübergestellt. Es erfolgte die subgingivale Probenentnahme zu drei Zeitpunkten: am Start (t-1), 1 Monat nach Implementierung eines standardisierten Mundhygieneprogramms (t0) und 4 Monate später (t+1), bei den Fällen am Tag der Kappenschienenabnahme (Abb.1). Die Biofilm-Probensammlung erfolgte mit gepoolten Papierspitzen und die bakterielle DNA Analyse mit 454-Pyrosequenzierung. Die bioinformatischen und statistischen Datenanalysen wurden mit *Quantitative Insights Into Microbial Ecology* (QIIME 1.8.0.) und R 3.1.2 durchgeführt.

Ergebnisse

Die 485.460 DNA-Sequenzen konnten 1.981 OTUs und elf Bakterienphyla zugeordnet werden: Fusobacteria (38.7%), Firmicutes (25.8%), Bacteroidetes (12.9%), Proteobacteria (10.3%), TM7 (7.2%), Actinobacteria (3.7%) sowie Verrucomicrobia, Tenericutes, Synergistetes, Spirochaetes und SR1 jeweils unter 1% (Abb. 2).

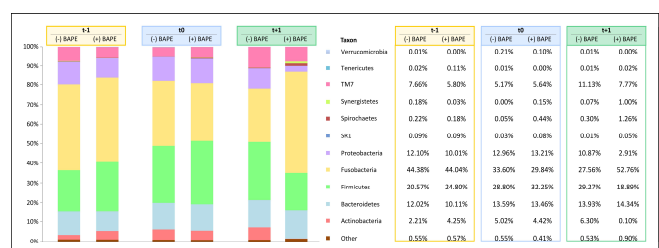


Abbildung 2: Änderung der relativen Abundanz der häufigsten Phyla über die Zeit. Ein klarer Unterschied in der Verteilung ist in der Fallgruppe, (+) BAPE, zum Zeitpunkt t3 (nach Intervention) zu erkennen.

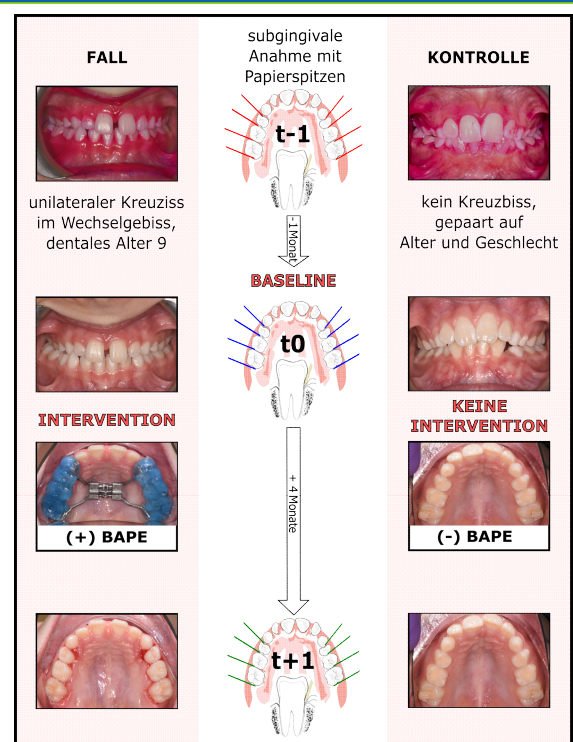


Abbildung 1: Studiendesign. Links Fälle mit palatraler Expansion nach 1 Monat Mundhygieneprogramm, rechts Kontrollen ohne Expansion. Probenahme: t1 ein Monat vor Behandlungsbeginn, t2 Start der Intervention in den Fällen, t3 Tag der Abnahme in den Fällen.

Der entsprechende Shannon Index bestätigte die signifikante Abnahme der Alpha-Diversität in den einzelnen Proben (Abb. 3A, $p=0.005$). Der Vergleich zwischen den Proben zeigt eine deutliche Zusammenballung der bakteriellen Verteilung in der Fallgruppe, zu sehen in der NMDS Darstellung basierend auf Bray-Curtis Distanzen (Abb. 3C) und bestätigt mit Adonis ($p=0.001$).

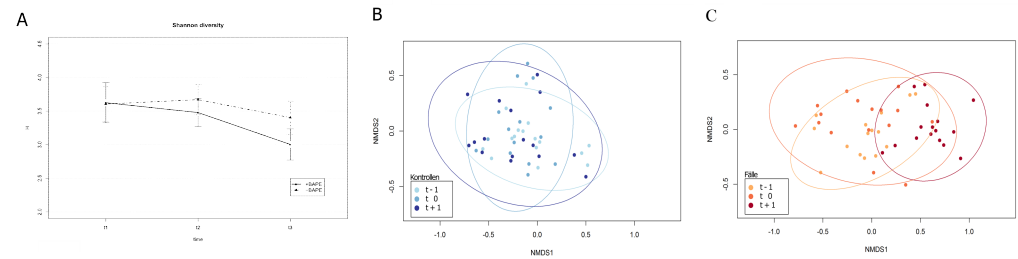


Abbildung 3: Shannon diversity und NMDS Analyse. A: Abnahme der Diversität in der Fallgruppe an t3. B: Gleiche Verteilung der Proben über die Zeit bei den Kontrollen. C: Klare Gruppenbildung der Fälle an t3.

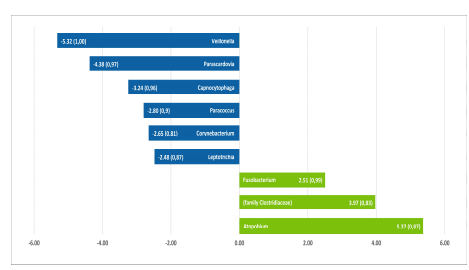


Abbildung 4: Signifikante Änderungen in der Fallgruppe (t2 - t3). Generaveränderungen mit einer Power von über 80% (Werte in Klammern) sind gezeigt.

Fünf Genera von Bakterien, *Veillonella*, *Parascardovia*, *Capnocytophaga*, *Paracoccus* und *Leptotrichia*, verloren in ihren relativen Anteilen um ein Vielfaches während des Tragens der Kappenschienen (Abb. 4 blaue Balken). Der logFC beträgt hier zwischen -5,37 und -2,48.

Hingegen haben drei Genera, nämlich *Fusobacterium*, *Atopobium* und ein Genus, das nur bis zur Familie der *Clostridiaceae* zugeordnet werden konnte, signifikant zugelegt (logFC von 5.37 bzw. 2.51, Abb. 4 grüne Balken).

Konklusion

Das Tragen von zementierten Kappenschienen über 4 Monate geht mit einem Verlust der subgingivalen bakteriellen Artenvielfalt einher. Geht man davon aus, dass es sich dabei um einen Hinweis für ein parodontales Risiko handelt schlagen wir vor:

- 1) Einführung von modernen mikrobiellen Screeningverfahren zur Beobachtung mikrobiologischer Veränderungen während der Kieferorthopädie
- 2) die Untersuchung von Behandlungs- und Materialalternativen hinsichtlich ihres parodontalen Risikos auf Basis von Mikrobiom Studien
- 3) die Durchführung von Langzeitstudien unter Verhaltensbeobachtung der Mikrobiota nach Entfernung der KFO Apparaturen.