

stomatologi[e]

der e-newsletter der österreichischen gesellschaft für zahn-, mund- und kieferheilkunde



© privat

ÖGZMIK

DDr. Elisabeth Santigli
Universitätsklinik für Zahnmedizin und Mundgesundheit
Abteilung für Orale Chirurgie und Kieferorthopädie
Billrothgasse 4, 8010 Graz
elisabeth.santigli@medunigraz.at

ANGEWANDTE MIKROBIOLOGIE IN DER KIEFERORTHOPÄDIE

RÜCKGANG DER SUBGINGIVALEN BAKTERIELLEN ARTENVIELFALT BEI KINDERN MIT KAPPENSCHIENEN: EINE FALL-KONTROLL-STUDIE

**Universitätsklinik für Zahnmedizin und
Mundgesundheit**
Medizinische Universität Graz

Elisabeth Santigli

Klinische Abteilung für Orale Chirurgie und
Kieferorthopädie

Barbara Schinagl

Klinische Abteilung für Orale Chirurgie und
Kieferorthopädie

Gernot Wimmer

Klinische Abteilung für Zahnerhaltung, Paro-
dontologie und Zahnersatzkunde

HINTERGRUND UND ZIELSETZUNG

Es ist davon auszugehen, dass kieferortho-
pädische Apparaturen eine Verschiebung
der bakteriellen Mikro-Ökologie im Mund
bewirken. Die Einführung von Next Generation
Sequencing (NGS)-Technologien ermöglicht
die Etablierung neuer diagnostischer Ansätze
in der Parodontologie welche auch für die
Kieferorthopädie nutzbar zu machen sind. Ziel
der vorliegenden Arbeit war es, den Einfluss
von Kappenschienen für die kieferorthopädi-
sche Oberkieferexpansion auf das subgingivale

Microbiom von Kindern zu untersuchen.

MATERIAL UND METHODE

Das bakterielle Mikrobiom von 16 Kindern mit
Kappenschienen im Wechselgebiss wurde
einer unbehandelten Kontrollgruppe gegen-
übergestellt. Es erfolgte die subgingivale Pro-
benentnahme zu drei Zeitpunkten: am Start, 1
Monat nach Implementierung eines standardi-
sierten Mundhygieneprogramms und 4 Monate
später, bei den Fällen am Tag der Kappenschie-
nenabnahme. Die Biofilm-Probensammlung
erfolgte mit gepoolten Papierspitzen und die
bakterielle DNA-Analyse mit 454-Pyrosequen-
zierung. Die bioinformatischen und statisti-
schen Datenanalysen wurden mit Quantitative
Insights Into Microbial Ecology (QIIME 1.8.0.)
und R 3.1.2. durchgeführt.

ERGEBNISSE

Den 485.460 DNA-Sequenzen konnten 1.981
OTUs und 11 Bakterienstämme zugeordnet
werden: Fusobacteria (38.7%), Firmicutes
(25.8%), Bacteroidetes (12.9%), Proteobacteria
(10.3%), TM7 (7.2%), Actinobacteria (3.7%)
sowie Verrucomicrobia, Tenericutes, Synergis-
tetes, Spirochaetes und SR1 jeweils unter 1%.
Die Verdünnungskurven zeigten eine Abnahme
des subgingivalen Bakterienreichtums nach
4 monatiger Tragedauer der fix zementierten
Kappenschienen. Der entsprechende Shan-

non Index bestätigte die signifikante Abnahme
der Alpha-Diversität innerhalb der Proben
($p=0.005$). 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 und bestätigt mit Ado-
nis ($p=0.001$). Fünf Gattungen von Bakterien,
Veillonella, Parascardovia, Capnocytophaga,
Paracoccus and Leptotrichia, verloren ihren
relativen Anteil deutlich um ein Vielfaches
während dem Tragen der Kappenschienen
(logFC -5,32 bis 2.47). Hingegen haben zwei
Gattungen, nämlich Fusobacterium and Atopo-
bium signifikant zugenommen (logFC of 5.37 bzw
2.51).

KONKLUSION

Das Tragen von zementierten Kappenschie-
nen 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 mikroökologischer Verände-
rungen während der Kieferorthopädie 2) die
Untersuchung von Behandlungs- und Material-
alternativen hinsichtlich ihres parodontalen
Risikos auf Basis von Mikrobiom Studien 3)
die Durchführung von Langzeitstudien unter
Verhaltensbeobachtung der Microbiota nach
Entfernung der KFO Apparaturen.