

Helena Edith Üffing

Dr. med. dent.

## **Analyse des oralen Mikrobioms von naturgesunden Probanden und von Probanden mit vorangegangener Karieserfahrung**

Fach / Einrichtung: Mund-Zahn-Kieferheilkunde

Doktormutter: Prof. (apl) Dr. Cornelia Frese

Hauptziel dieser Pilotstudie ist die Analyse und Charakterisierung des oralen Mikrobioms im Speichel und in früher Plaque naturgesunder Probanden im Vergleich zu gesunden, aber bereits therapierten Probanden mit Karieserfahrung. Es soll bestimmt werden, welche Spezies/Arten zu einem naturgesunden Mikrobiom gehören und, ob im oralen Mikrobiom ein Unterschied zwischen Naturgesunden und Karieserfahrenen erkennbar ist.

Es wurden zwei Gruppen aus allgemeinmedizinisch gesunden Probanden gebildet.

Eine naturgesunde Gruppe, mit keinerlei Karieserfahrung und eine Gruppe mit vollständig therapierter Karies, also mit Karieserfahrung. Beiden Gruppen wurde nach Mundhygienekarenz von 48h Plaque entnommen.

Mittels 16S rRNA-Analyse wurden gewonnene Plaqueproben der Probanden analysiert, auf deren Bakteriengehalt und -zusammensetzung hin untersucht und biostatistisch ausgewertet. Zudem wurden bei Probanden beider Gruppen stichprobenartig kommerzielle Speicheltestkits zur mikrobiologischen Diagnostik angewendet und mit den Daten der Sequenzierung verglichen.

Die Sequenzierung ergab durchschnittlich 34938 Sequenzen pro Probe. Es wurden insgesamt 149 verschiedene bakterielle Gattungen gefunden. Zudem zeigte sich für beide Gruppen ein starkes gemeinsames Mikrobiom bestehend aus 345 OTUs. Bei Naturgesunden und Probanden mit Karieserfahrung stimmten in dieser Studie 42,2% des Mikrobioms überein.

In der Gruppe „naturgesund“ traten die Gattungen *Fusobacterium* (*Proteobacteria*), *Campylobacter* (*Proteobacteria*), *Corynebacterium* (*Actinobacteria*) und *Clostridiales Family\_XIII\_ge* (*Firmicutes*) signifikant häufiger auf. In der Gruppe „karieserfahren“ waren *Haemophilus* (*Proteobacteria*) und *Streptococcus* (*Firmicutes*) signifikant häufiger vorhanden. Aus diesen Ergebnissen lassen sich mögliche Markerbakterien für orale Gesundheit ermitteln. Besonders *Corynebacterium* scheint hier als Markerbakterium großes

Potential zu haben, da bereits in anderen Studien das strukturegebende Gerüst des Corynebacteriums für eine stabile bakterielle Komposition untersucht wurde.

Hinsichtlich der kommerziell erhältlichen Tests zur Speicheldiagnostik hat die Studie gezeigt, dass die Tests im Vergleich zu den Daten der Sequenzierung keine valide Aussage zur mikrobiologischen Zusammensetzung hinsichtlich spezieller Markerkeime liefern können.

Die Kenntnis der Zusammensetzung und des Zusammenspiels der verschiedenen oralen Bakterien, sowohl im Kranken als auch insbesondere im Gesunden, ermöglicht es, neue Therapieansätze zu entwickeln und den Shift von Homöostase zur Dysbiose möglicherweise zu beeinflussen.