

# Die Bedeutung von *Tannerella forsythia* und *Treponema denticola* in der Ätiologie der Parodontitis – aktuelle Literaturdaten

## Zusammenfassung

Die Mikroorganismen *Tannerella forsythia* und *Treponema denticola*, dem sogenannten "roten" Komplex zugeordnet, spielen bei der Ätiologie und Pathogenese der Parodontalerkrankung eine bedeutsame Rolle.

*Tannerella forsythia* verfügt als Virulenzfaktor über ein multifunktionelles oberflächenassoziiertes Protein BspA, welches mit verschiedenen Wirtszellen, einschließlich Monocyten, interagiert, die durch Toll-like-Rezeptoren (TLR) eine Antwort signalisieren.

Eine Bindung von BspA an TLR-2 belegt die Freisetzung von IL-8 aus humanen gingivalen Epithzellen.

Ein aus *Tannerella forsythia* isoliertes Enzym, ähnlich der Metallomatrixproteasen, wird als Karilysin bezeichnet. Dieses hat die Spezifität der Eigenschaft zum Abbau von Elastin, Fibrinogen und Fibronectin und kann zur Pathogenität von *Tannerella forsythia* beitragen. Der *Forsythia detaching Factor* von *Tannerella forsythia* bewirkt eine Ablösung von durch Adhäsion gebundene unbeweglichen humane Zellen und induziert die Freisetzung von IL-8 in humanen Fibroblasten, kann deshalb bei der Virulenz des Organismus eine Rolle spielen.

*Tannerella forsythia* ist subgingival bei 25% Heranwachsender und 37% einer erwachsenen Population nachweisbar, bei 11% in relativ hohen Mengen.

Klinisch untersucht ist die Prävalenz von *Tannerella forsythia* und seine Beziehung zu klinischem Attachmentverlust bei Heranwachsenden, es deutet auf eine starke Assoziation.

Dentisin als eine chymotrypsin-ähnliche Protease prtP gilt als wichtiger Virulenzfaktor von *Treponema denticola*. Vom Proteasekomplex der Oberfläche von *Treponema denticola*, bestehend aus der PrtP-Protease (Dentisin) und zwei zusätzlichen Polypeptiden (PrcA1 and PrcA2), wird angenommen, daß er zur parodontalen Erkrankung durch Abbau extrazellulärer Matrixkomponenten und der Unterbindung von interzellulären Wirtssignalen beiträgt.

Cystalysin ist eine Lyase von *Treponema denticola* und katabolisiert L-Cystein in Pyruvate, Ammoniak und Schwefelwasserstoff H<sub>2</sub>S. Diese Fähigkeit induziert eine Zellyse. OMPs (Outer membrane Proteins) von *Treponema denticola* wird eine Schlüsselrolle in der Mikroorganismen-Wirts-Interaktion bei Parodontitis zugeschrieben. Humane Serum Antikörper Ig-G erkennen verschiedene Proteine in verschiedenen Kulturen von *Treponema denticola*, welche korrelieren mit MSP (Major surface Protein) und PrtP (Liprotein Protease complex proteine). Diese Proteine werden in vivo exprimiert und sind immunogenetisch wirksam.

Klinisch nachweisbar ist *Treponema denticola* in einer Mehrzahl von Proben supra- und subgingivalem Zahnstein. Unterschiedlich scheint die Prävalenz von *Treponema denticola* bei schwer generalisiert Erkrankten zwischen ethnischen Gruppen zu sein.

In klinischen Studien zum „roten Komplex“ zeigt ein Überhandnehmen der Bakterienarten *Porphyromonas gingivalis*, *Tannerella forsythia* und *Treponema denticola* erhöhte Sondierungstiefen und Bluten auf Sondieren. Erhöhte Speichelkonzentrationen von *Treponema denticola* und *Porphyromonas gingivalis* und erhöhte Werte von Metallo-Matrix-Proteine MMP8/9 sind robuste kombinierte Indikatoren für den Schweregrad einer

Parodontalerkrankung. Eine Progression scheint mit der Anwesenheit der Organismen des „roten Komplexes“ zu sein.

*Treponema denticola* induziert im Biofilm die genetische Hochregulation verschiedener Virulenzfaktoren, Toxin-Antitoxin-Systemen und einer Gruppe mutmaßlicher Transposasen, hat dadurch ein höheres Potential genetischer Mobilität und scheint für die Betändigkeit und Virulenz des Biofilms von Bedeutung.

In verschiedenen Studien nachgewiesen kann die Keimzahl von *Tannerella forsythia* und *Treponema denticola* durch eine Kombinationsbehandlung aus Amoxicillin/Metronidazol, Minocyclin, Mixofloxacin oder Doxycyclin mit Scaling/Rootplaning deutlicher reduziert werden als durch Scaling/Rootplaning allein.

## Summary

The microorganisms *Tannerella forsythia* and *Treponema denticola*, the so-called "red" complex assigned to play an important role in the aetiology and pathogenesis of periodontal disease .

*Tannerella forsythia* virulence factor has a multifunctional surface-associated protein BSPA, which with different kinds of host cells, including monocytes, interacts, which signal through Toll-like receptors (TLR) response. The binding of BSPA in TLR-2 shows the release of IL-8 from human gingival epithel cells.

One of *Tannerella forsythia* isolated enzymes, similar to the metalloproteinases, is called Karylysin.

This has the property for the degradation of elastin, fibrinogen and fibronectin and may contribute to the pathogenicity of *Tannerella forsythia*.

The *for* detaching factor of *Tannerella forsythia* causes a detachment of bound by adhesion immovable human cells and induces the release of IL-8 in human fibroblasts, can therefore play a role in the virulence of the organism.

*Tannerella forsythia* subgingival is detectable in 25% of adolescents and 37% of an adult population, 11% in relativ high amounts.

Clinically examined the prevalence of *Tannerella forsythia* and its relation to clinical attachment loss in adolescents, it indicates a strong association.

Dentisilin than as a chymotrypsin prtP-like protease is an important virulence factor of *Treponema denticola*.

From the protease complex of the surface of *Treponema denticola*, consisting of the PrtP protease (Dentisilin) and two additional polypeptides (PrcA1 and PrcA2), is believed to contribute to periodontal disease due to degradation of extracellular matrix components and the elimination of inter-cellular host signals.

Cystalyisin is a lyase from *Treponema denticola* and catabolized L-cysteine into pyruvate, ammonia and hydrogen sulfide H<sub>2</sub>S. This ability to induce cell lysis. OMPs (Outer mebrane protein) of *Treponema denticola* is attributed a key role in the microorganism-host interactions in periodontitis. Human serum antibodies recognize different Ig-G proteins in different cultures of *Treponema denticola*, which correlated with MSP (major surface protein) and PrtP (Liporotein protease complex proteins).

These proteins are expressed in vivo and are effective immunogenetics.

*Treponema denticola* is clinically detectable in a plurality of supra-and subgingival calculus

samples. The prevalence of *Treponema denticola* in periodontal ill seems to be different between ethical groups.

In clinical trials of "red complex" shows a prevalence of bacteria species *Porphyromonas gingivalis*, *Tannerella forsythia* and *Treponema denticola* increased probing depths and bleeding on probing. Increased salivary concentrations of *Treponema denticola* and *Porphyromonas gingivalis* and elevated levels of matrix metallo-proteins MMP8 / 9 combined are robust indicators of the severity of periodontal disease. Progression seems to be associated with the presence of organisms of the "red complex".

*Treponema denticola* induces biofilm in the genetic up-regulation of different virulence factors, toxin-antitoxin systems and a group of alleged transposases, thus has a higher potential genetic mobility, and seems to resistance and virulence of the biofilm of significance.

Demonstrated in several studies, the bacterial count of *Tannerella forsythia* and *Treponema denticola* by a combination treatment of Amoxicillin / Metronidazole, Minocycline, Doxycycline or Mixofloxacin with scaling / rootplaning be reduced more clearly than by scaling / rootplaning alone.