

Veraenderung im Verstaendnis des parodontalpathogenen Biofilms durch Mikrobiomanalyse - eine Literaturarbeit

Ziel dieser Literaturübersicht war es, die durch moderne Mikrobiomanalyseverfahren entstandene Veränderung im Verständnis des parodontalpathogenen Biofilms aufzuzeigen.

Dazu wurde eine systematische Literaturanalyse der derzeitig veröffentlichten Literatur bezüglich des oralen Mikrobioms und der Mikrobiomanalyse in den Datenbanken Chochrane Library, Embase, Medline und Pubmed durchgeführt. Die Analyse beschränkte sich auf online abzurufende Datenbanken und wurde durch eine individuelle manuelle Literaturrecherche ergänzt.

Die Entwicklung des oralen Mikrobioms, verlief im Sinne einer Koevolution die mit der Veränderung der menschlichen Lebens-, Ernährungs- und Hygienegewohnheiten im Laufe der Evolution einherging.

Die Etablierung des oralen Mikrobioms beginnt mit dem Geburtsprozess und wird von der Mutter auf das Kind übertragen. Die weitere Differenzierung des oralen Mikrobioms geschieht durch Kontakt mit der Umwelt und Umweltfaktoren. Das orale Mikrobiom unterscheidet sich in seiner Zusammensetzung zwischen den Menschen in Heterogenität und Individualität erheblich und unterliegt einer stetigen Dynamik und potentiellen Veränderung.

Das orale Mikrobiom hat auf die Pathogenese der Parodontitis Einfluss. Es bildet ein Ökosystem, das im gesunden Zustand im Gleichgewicht ist, allerdings durch dysbiotische Verschiebungen im Mikrobiom zur Dominanz pathogener und zur Dezimierung natürlicher gesundheitsfördernder Mikroorganismen führt.

Die Entstehung einer Parodontitis scheint nicht auf einzelne pathogene Mikroorganismen zurückzuführen zu sein, sondern bedarf immer eines Begleitmikrobioms und der Reduzierung gesundheitsförderlicher Mikroorganismen im oralen Mikrobiom, die die pathologischen Prozesse begünstigen und triggern. Dies unterstreicht die Auffassung, dass die Parodontitis eine multifaktorielle Erkrankung ist. Verhaltensweisen wie Stress, Ernährung oder Rauchen scheinen dabei einen großen Einfluss auf Symbiosis und Dysbiosis des oralen Mikrobioms zu haben. So konnte gezeigt werden, dass das Rauchen die Zusammensetzung des Mikrobioms negativ verändert und die mikrobielle Zusammensetzung reduziert.

Die Etablierung neuer Verfahren in der Mikrobiomanalyse hat das Verständnis des oralen Biofilms weiterentwickelt. So haben Next Generation Sequenzierung Verfahren wie die 16s-rRNA-Sequenzierung die Möglichkeit eröffnet, auch in Zellkulturen nicht darstellbare Mikroorganismen zu identifizieren und ihre Funktion im symbiotischen oder dysbiotischen Mikrobiom zu verstehen.

Conclusion

The aim of this literature review was to show the changes in the understanding of periodontal pathogenic biofilm resulting from modern microbial analysis methods.

To this purpose, a systematic literature analysis of the currently published literature with regard to oral microbioma and microbial analysis was conducted in the databases Chochrane Library, Embase, Medline and Pubmed. The analysis was limited to databases that can be retrieved online and was supplemented by an individual manual literature search. The development of the oral microbiome was a coevolution, which was accompanied by a change in human habits of life, nutrition and hygiene during evolution.

The establishment of the oral microbiome begins with the birth process and is transmitted from mother to child. Further differentiation of the oral microbiome is achieved by contact with the environment and environmental factors. The composition of the oral microbiome differs considerably between people in heterogeneity and individuality and is subject to constant dynamics and potential changes.

The oral microbiome has an influence on the pathogenesis of periodontitis. It forms an ecosystem that is in a healthy state of equilibrium, but leads to the dominance of pathogenic microorganisms and the decimation of natural health-promoting microorganisms by dysbiotic shifts in the microbiome.

The development of periodontitis does not seem to be attributed to individual pathogenic microorganisms, but always requires an accompanying microbiome and the reduction of health-promoting microorganisms in the oral microbiome, which promote and trigger the pathological processes. This underlines the view that periodontitis is a multifactorial disease. Behaviors such as stress, nutrition or smoking seem to have a major influence on the symbiosis and dysbiosis of the oral microbiome. It has been shown that smoking negatively changes the composition of the microbioma and reduces the microbial composition.

The establishment of new methods in microbial analysis has further developed the understanding of oral biofilm. Next generation sequencing methods such as 16s-rRNA sequencing made it possible to identify microorganisms that are not presentable in cell cultures and to understand their function in symbiotic or dysbiotic microbiomas.