

EDITORIAL

Diversidad del bacterioma oral humano

Diversity of human oral bacteriome

Olier-Castillo Doris

Programa de Bacteriología, Corporación Universitaria Rafael Núñez, Cartagena – Colombia
doris.olier@curnvirtual.edu.co

Los avances tecnológicos para los análisis microbianos han permitido amplificar el conocimiento de la microbiota oral tanto en salud como en enfermedades de la cavidad bucal, principalmente caries y enfermedad periodontal.

Del cultivo bacteriano en agares tradicionales que permitió dilucidar los inicios del conocimiento de esta microbiota y asociar algunos géneros con enfermedades bucales como el caso del género *Streptococcus*; se avanzó en la diferenciación de especies con la utilización de agares selectivos y cromoagares, mediante los cuales hoy por hoy, la comunidad científica acepta la asociación de *Streptococcus sanguinis*, *Streptococcus mutans*, entre otras especies bacterianas, relacionadas con los procesos de salud y enfermedad oral respectivamente (1).

Con el advenimiento de la biología molecular y el desarrollo de diversas técnicas dentro de este campo, se han realizado estudios con el objetivo de conocer el bacterioma oral que influye en ambos estadios, la salud y enfermedad oral. Con mayor frecuencia se encuentra este tipo de estudios relacionados con caries dental en niños, teniendo en cuenta que en esta franja de edad, la caries es la infección crónica más prevalente en el mundo; además, la caries así como la periodontitis afectan la calidad de vida debido a que conducen a la pérdida de dientes (2,3). Destaco algunos de estos estudios realizados con ADN extraído a partir de biofilm oral, con diseño de casos y controles en niños preescolares.

Choi et al. (2009), mediante PCR cuantitativa en tiempo real (qRT-PCR) encontraron diferencia significativa entre los niveles de *S. mutans* y *S. sobrinus* en las muestras de placa de niños preescolares de Corea con diferentes etapas de caries (4). Jiang y colaboradores (2011) a través de PCR y Electroforesis en gel con gradiente de desnaturalización (PCR-DGGE) concluyeron que el bacterioma del biofilm experimenta cambios complicados que conducen a la caries en niños preescolares de la China con diferentes fases de caries (5).

Por otra parte, Peterson et al, (2013) mediante secuenciación para identificar unidades taxonómicas operativas reportan que aproximadamente la mitad de esas unidades eran comunes y se presentaban con una abundancia similar en niños preescolares de Brasil

con y sin caries. Describen que hay filotipos de muy baja abundancia asociados con la salud y enfermedad dental, siendo que los primeros superan a los segundos en número en casi el doble (6). En el 2013, Jiang et al., en niños de la China con caries severa temprana, usando pirosecuenciación muestran la estructura general y composición de las comunidades bacterianas, sugiriendo que hay bacterioma central en la microbiota de la placa dental. Además, reportan que *Streptococcus*, *Granulicatella* y *Actinomyces* se incrementaron significativamente en el grupo caso (7).

En este año, 2017, Agnello et al., con secuenciación de siguiente generación mediante HOMINGS, establecen que el bacterioma de niños canadienses con caries severa es diversa a la de los niños sin caries, revelando especies que antes no se habían descrito en salud o enfermedad (8). Igualmente Richards et al, en el mismo año y utilizando la misma técnica llegan a la misma conclusión en niños de Estados Unidos (9).

Los datos de todos estos estudios podrán facilitar mejoras en la prevención y el tratamiento de la caries inicial o severa en la primera infancia. No obstante, aún el panorama no es totalmente claro debido a que hay resultados contradictorios por lo que hay que seguir profundizando en el conocimiento del bacterioma oral.

REFERENCIAS

1. Acevedo AM, Ray MV, Socorro M, Rojas-Sánchez F. Frequency and distribution of mutans Streptococci in dental plaque from caries-free and caries-affected venezuelan children. Acta Odontol. Latinoam. 2009; 22 (1): 15-20.
2. Ribeiro AA, Azcarate-Peril MA, Cadenas MB, Butz N, Paster BJ, Chen T, et al. The oral bacterial microbiome of occlusal surfaces in children and its association with diet and caries. PLoS ONE. 2017; 12(7): e0180621. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0180621>.
3. Sanz M, Beighton D, Curtis MA, Cury J, Dige I, Dommisch H, et al. Role of microbial biofilms in the maintenance of oral health and in the development of dental caries and periodontal diseases. Consensus report of group 1 of the Joint EFP/ORCA workshop on the boundaries between caries and periodontal disease. J Clin Periodontol 2017; 44 (Suppl. 18): S5–S11. doi: 10.1111/jcpe.12682.
4. Choi EJ, Lee SH, Kim YJ. Quantitative real-time polymerase chain reaction for *Streptococcus mutans* and *Streptococcus sobrinus* in dental plaque samples and its association with early childhood caries. Int J Paediatr Dent. 2009; 19: 141–147. DOI: 10.1111/j.1365-263X.2008.00942.x
5. Jiang W, Jiang Y, Li C, Liang J. Investigation of supragingival plaque microbiota in different caries status of chinese preschool children by Denaturing Gradient Gel Electrophoresis. Microb Ecol. 2011; 61:342–352. DOI 10.1007/s00248-010-9753-z.
6. Peterson SN, Snesrud E, Liu J, Ong AC, Kilian M, Schork N, et al. The dental plaque microbiome in health and disease. PLoS ONE. 2013; 8(3): e58487. doi:10.1371/journal.pone.0058487
7. Jiang W, Zhang J, Chen H. Pyrosequencing analysis of oral microbiota in children with severe early childhood dental caries. Curr Microbiol. 2013. DOI 10.1007/s00284-013-0393-7
8. Agnello M, Marques J, Cen L, Mittermuller B, Huang A, Chaichanasakul T, et al. Microbiome associated with severe caries in Canadian first nations children. J Dental Res. 2017. DOI: 10.1177/0022034517718819.
9. Richards VP, Alvarez AJ, Luce AR, Bedenbaugha M, Mitchella M, Burned RA, et al. The microbiome of site-specific dental plaque of children with different caries status. Infect. Immun. 2017. DOI:10.1128/IAI.00106-17

<https://doi.org/10.22519/21455333.1055>

Olier-Castillo Doris. Revista CSV, junio 2017; 9 (2): 55-56

56

<https://doi.org/10.22519/21455333.958>