

Mikrobiom im Visier: Darmbakterien beeinflussen das Kariesrisiko

Ein Beitrag von Katja Kupfer.



Karies zählt weltweit zu den häufigsten chronischen Erkrankungen und ihre Ursachen werden zunehmend vielschichtiger verstanden. Eine aktuelle Studie aus dem Fachjournal *International Journal of Oral Science* liefert nun erstmals genetisch gestützte Hinweise darauf, dass nicht nur das orale Mikrobiom, sondern auch bestimmte Darmbakterien direkt das Kariesrisiko beeinflussen können. Damit rückt die sogenannte „Darm-Mund-Achse“ stärker in den Fokus der zahnmedizinischen Forschung und Prävention.

Die Forschenden nutzten eine sogenannte zweistichprobenbasierte Mendelsche Randomisierungsanalyse, um mögliche kausale Zusammenhänge zwischen der Darmmikrobiota und der Entwicklung von Karies zu untersuchen. Als Datengrundlage dienten genomweite Assoziationsstudien (GWAS) aus der MiBioGen-Kohorte mit über 18.000 Teilnehmenden sowie eine separate GWAS zur Zahnkaries. Die Auswertung konzentrierte sich auf 131 bakterielle

Gattungen im Darm. Die statistischen Methoden, unter anderem inverse variance weighting (IVW), MR-Egger und Leave-One-Out-Tests, sollten Verzerrungen durch klassische Störfaktoren vermeiden und die Robustheit der Ergebnisse absichern.

Sechs bakterielle Gattungen zeigten eine signifikante Korrelation mit dem Kariesrisiko. *Eubacterium brachy group* und *Terrisporobacter* standen in positiver Verbindung zur Entstehung von Karies. Demgegenüber war das Vorkommen von *Escherichia/Shigella*, *Oscillibacter*, *Oscillospira* und *Ruminococcaceae UCG014* negativ mit dem Risiko assoziiert, diese Gattungen könnten somit eine potenziell schützende Wirkung entfalten.

Die Studie diskutiert mehrere biologische Mechanismen, über die eine solche Verbindung vermittelt sein könnte. Im Fokus stehen dabei entzündungsmodulierende Stoffwechselprodukte des Darmmikrobioms, wie kurzkettige

Fettsäuren, sowie die Beeinflussung systemischer Entzündungsprozesse durch bakterielle Lipopolysaccharide (LPS). Letztere könnten unter anderem Pulpazellen beeinflussen und so die Kariesentwicklung begünstigen.

Auch wenn die Studie neue Perspektiven auf den Zusammenhang zwischen Mikrobiom und oraler Gesundheit eröffnet, betonen die Autoren die Grenzen der Aussagekraft. Die Ergebnisse gelten primär für europäische Populationen, und ein direkter Wirkmechanismus konnte nicht abschließend belegt werden. Weitere Forschung ist daher zwingend notwendig, um die Übertragbarkeit auf den klinischen Alltag zu prüfen.

Quelle: Zhou, J., Liu, Z., Xie, Y., et al. (2025). *Causal relationship between gut microbiota and dental caries: a two-sample Mendelian randomization study*. *International Journal of Oral Science*.

Unterschätzte Gefahr: Der Mund als Speicherort für resistente Gene

Ein Beitrag von Friederike Heidenreich.

Bakterielle antimikrobielle Resistenzgene (ARGs) können von einer Bakterienart auf eine andere übertragen werden, wodurch auch die Resistenz gegen Antibiotika auf schädliche Bakterien übergehen kann. Dies passiert im ganzen Körper – auch im Mund. Australische Forscher der Universität Sydney haben in einer systematischen Übersichtsarbeit das orale Resistom (Gesamtheit aller antibiotikaresistenten Gene) analysiert.

Kleine Übeltäter, große Bedrohung: Weltweit gefährden antibiotikaresistente Bakterien die Gesundheit der Menschen. Die Weltgesundheitsorganisation (WHO) zählt die Antibiotikaresistenz sogar zu den zehn größten Bedrohungen für die Menschheit. Die Mundhöhle rückt zunehmend als Speicherort für resistente Gene in den Fokus der Forschung.

In der Übersichtsarbeit wurden 15 klinische Studien analysiert, die im Zeitraum von 2015 bis 2023 durchgeführt wurden und 159 ARGs in der Mundhöhle identifizierten. Um die resistenten Gene nachzuweisen, nutzten die Forschenden Polymerase-Kettenreaktion (PCR) sowie Next-Generation-Sequencing (NGS). Die Ergebnisse zeigen, dass durch die NGS-Methode deutlich mehr resistente Bakterien und Gene gefunden wurden als

im PCR-Verfahren. Die PCR-Studien identifizierten lediglich sieben ARGs und 25 gentragende Bakterienarten. Die NGS-Studien wiesen dagegen 34 verschiedene ARGs sowie ganze 177 Bakterienarten nach. Das NSG-Verfahren scheint somit eine genauere Methode zur Untersuchung von Resistenzen zu sein.

Die resistenten Gene wurden in sechs unterschiedlichen Regionen der Mundhöhle nachgewiesen. Der Speichel und der supragingivale Biofilm wiesen die größte Vielfalt an ARGs auf.

Gene mit Resistenz gegen wichtige Antibiotika wie Tetracyclin und Makrolid wiesen eine breite Verteilung in der ganzen Mundhöhle auf – dies ist im Angesicht ihrer häufigen Anwendung in der Medizin ein besorgniserregendes Ergebnis. Ebenso bedeutsam ist der Fund von ARGs in Streptokokken-Bakterien, die schwere Infektionen wie eine bakterielle Herzinnenhautentzündung (Endokarditis) verursachen können. Außerdem wurden in der Mundhöhle sogenannte ESKAPE-Keime (hochvirulente, multiresistente Bakterien) gefunden. Diese Bakterien sind für schwere Infektionen bekannt und oft multiresistent.

Ein umfassendes Verständnis des oralen Resistoms ist durch die aktuelle Studienlage noch nicht gegeben. Die Forscher empfehlen weitere Langzeitstudien mit NSG-Analysen zur Untersuchung des Einflusses von Faktoren wie Antibiotikakonsum, Mundhygiene oder allgemeine Gesundheit auf die Entwicklung von Resistenzen im Mund.

Quellen: Sukumar S, Rahmanyar Z, El Jurf H Q et al.: *Mapping the oral resistome: a systematic review*. *Journal of Medical Microbiology* (2024). DOI: <https://doi.org/10.1099/jmm.0.001866>.