

Porównanie mikrobioty dna jamy ustnej i protez

Comparison of the microbiota of the floor of the mouth and dentures

**Monika Nitsze-Wierzba¹, Magdalena Wyszyńska¹, Anna Mertas²,
Maria Cisowska² Magdalena Zajac³, Jacek Kasperski¹,
Małgorzata Zdzisława Skucha-Nowak⁴**

¹ Katedra Protetyki Stomatologicznej, Śląski Uniwersytet Medyczny w Katowicach
Chair of Prosthodontics and Dental Materials Science, Medical University of Silesia
Kierownik: dr hab. n. med. Magdalena Wyszyńska

² Katedra i Zakład Mikrobiologii i Immunologii w Zabrze, Śląski Uniwersytet Medyczny w Katowicach
Chair and Department of Microbiology and Immunology
Kierownik: prof. dr hab. n. med. Zenon Czuba

³ Szkoła Doktorska Śląskiego Uniwersytetu Medycznego w Katowicach, Katedra Chorób Wewnętrznych,
Dermatologii i Alergologii, Śląski Uniwersytet Medyczny w Katowicach
Department of Internal Medicine, Dermatology and Allergology in Zabrze, Medical University of Silesia
Kierownik: prof. dr hab. n. med. Alicja Grzanka

⁴ Zakład Propedeutyki Stomatologii, Katedra Stomatologii Zachowawczej z Endodoncją, Śląski Uniwersytet
Medyczny w Katowicach
Kierownik: prof. dr hab. n. med. Małgorzata Skucha-Nowak

HASŁA INDEKSOWE:

mikrobiota, jama ustna, protezy

KEY WORDS:

mikrobiota, oral cavity, dentures

Streszczenie

Wprowadzenie. Istotność mikrobioty jamy ustnej w kontekście ogólnego stanu zdrowia pacjenta jest obecnie powszechnie znana. Znanych jest ponad 700 szczepów bakteryjnych zasiedlających nisze różniące się bioróżnorodnością.

Cel pracy. Celem pracy było porównanie składu mikrobioty jamy ustnej i protez u pacjentów użytkujących ruchome uzupełnienia protetyczne.

Materiał i metody. Grupa badana obejmowała 34 pacjentów użytkujących protezy stomatologiczne. Każdy z pacjentów był poddany wstępnemu badaniu obejmującemu dokładny wywiad oraz badanie wewnątrzustne. Następnie pobrano wymaz z dna jamy ustnej i dośluzówkowej powierzchni protezy przy użyciu sterylnej wymazówki z podłożem transportowym Amies z węglem. Materiał był dostarczany do Laboratorium Mikrobiologicznego Katedry i Zakładu Mikrobiologii i Immunologii w Zabrze, gdzie przeprowa-

Summary

Introduction. The importance of oral microbiota in the context of the patient's general health is widely known. Over 700 bacterial strains that inhabit niches with different biodiversity have been identified.

Aim of the study. To compare the composition of the oral and denture microbiota in patients using removable prosthetic restorations.

Material and methods. The study group included 34 patients using dental prostheses. Each patient underwent an initial examination, including a detailed interview and intraoral examination. Then, a swab was taken from the floor of the mouth and the mucosal surface of the denture using a sterile swab with Amies transport medium with charcoal. The material was delivered to the Microbiology Laboratory of the Department and Institute of Microbiology and Immunology in Zabrze, where laboratory

dzano laboratoryjne badania mikrobiologiczne w celu wyizolowania i zidentyfikowania obecnych w próbkach szczepów bakterii.

Wyniki. Spośród wszystkich wyhodowanych szczepów z próbek od każdego pacjenta zanotowano odsetek szczepów wspólnych dla obu miejsc poboru. Wśród wszystkich pacjentów zgodność wynosiła od 0 do 100%, jednak średnia zgodność wyizolowanych szczepów wyniosła 34,7%, przy czym większą różnorodność notowano raczej wśród próbek z dna jamy ustnej.

Wnioski. Wyniki sugerują dużą rolę śliny oraz czynników środowiskowych na skład mikrobioty jamy ustnej. Prawidłowa higiena protez może wpływać nie tylko na błonę śluzową będącą w bezpośrednim kontakcie z płytą protezy, ale również na dobrostan całej jamy ustnej i, co za tym idzie, całego organizmu.

microbiological tests were performed to isolate and identify the bacterial strains present in the samples.

Results. Of all the strains cultured from samples from each patient, the percentage of strains common to both sampling sites was recorded. Among all patients, the concordance ranged from 0 to 100%, but the average of isolated strains was 34.7%, with a greater diversity noted in samples from the floor of the mouth.

Conclusions. The results suggest a significant role of saliva and environmental factors on the composition of the oral microbiota. Proper denture hygiene can affect not only the mucosa in direct contact with the denture plate, but also the well-being of the entire oral cavity and, consequently, the whole organism.

Wprowadzenie

Mikrobiota jamy ustnej pełni jedną z kluczowych ról w utrzymaniu stanu zdrowia całego organizmu. Obecnie wiadomo już, że zamieszkuje ją ponad 700 gatunków bakterii w wielu mikrośrodkach o odmiennej bioróżnorodności.¹⁻³ Należą do nich: powierzchnia szkliwa zębów, powierzchnie błony śluzowej podniebienia, dziąseł i brodawek języka oraz policzka,^{4,5} przy czym błona śluzowa policzka i podniebienia to obszary o niskiej różnorodności mikrobiologicznej natomiast język jest siedliskiem bardziej zróżnicowanej mikroflory, w tym bakterii beztlenowych.^{6,7}

Ślina, obmywając tkanki jamy ustnej, staje się mieszaniną mikroorganizmów z wielu nisz jamy ustnej, więc przyjmuje się, że większość mikroorganizmów jamy ustnej można wykryć w dowolnym miejscu w jamie ustnej.^{4,7-9}

Mikrobiom jamy ustnej ulega wielu zmianom w czasie ontogenezy, od momentu narodzin i nabycia mikrobioty od matki do okresu późnej starości.^{7,8} Nawet po całkowitej utracie

zębów niektóre gatunki mogą nadal pozostawać w jamie ustnej, a mikrobiom jamy ustnej może charakteryzować się wyższą częstością występowania niektórych mikroorganizmów niż innych u pacjentów stosujących wyjmowane lub stałe protezy zębowe.¹⁰ Badania O'Donnella i wsp. wykazały, iż płytka bakteryjna częściowych protez zębowych jest znacznie bardziej zróżnicowana niż całkowitych protez zębowych.¹¹

Użytkowanie ruchomych uzupełnień protezycznych może więc wiązać się z chorobami o tle infekcyjnym, w tym zapaleniem jamy ustnej i halitozą, ale mogą one również stanowić rezerwuuar patogenów dla układu oddechowego.¹² Potwierdza to fakt, iż mikrobiom związany z protezami zębowymi odgrywa znaczącą rolę w ogólnym stanie zdrowia.

Cel pracy

Celem pracy było porównanie składu mikrobioty jamy ustnej i protez u pacjentów użytkujących ruchome uzupełnienia protetyczne.

Material i metody

Grupa badana obejmowała 34 pacjentów użytkujących ruchome protezy zębowe częściowe i/lub całkowite. W trakcie pierwszej wizyty u każdego pacjenta przeprowadzono dwuetapowe badanie. Pierwszy etap obejmował ogólny wywiad medyczno-stomatologiczny oparty na formularzu zaprojektowanym na potrzeby projektu dotyczącym chorób ogólnych, przyjmowanych leków i nawyków higienicznych, a następnie badanie przedmiotowe przy użyciu lusterka, sondy stomatologicznej i sondy periodontologicznej oznaczonej według WHO. Do oceny stanu przyzębia zastosowano następujące wskaźniki: wskaźnik krwawienia z rowka dziąsłowego według *Ainamo* i *Baya*, GBI oraz wskaźnik głębokości kieszonek przyzębnych PPD. Do oceny stanu higieny jamy ustnej zastosowano uproszczony wskaźnik higieny jamy ustnej OHI według *Greene'a* i *Vermilliona* oraz wskaźnik retencji płytki nazębnej PLI według *Silnessa* i *Löe*. Obecność płytki nazębnej oceniano wizualnie za pomocą lusterka i sondy badawczej. Ocenę stanu błony śluzowej u pacjentów użytkujących całkowite lub częściowe uzupełnienia ruchome przeprowadzono przy użyciu klasyfikacji zmian błony śluzowej wg Newtona, zwanych stomatopatiami protetycznymi. Ocenę nawodnienia błony śluzowej w celu stwierdzenia ewentualnej suchości jamy ustnej wykonano za pomocą testu lusterkowego. Lusterko stomatologiczne przykładano do błony śluzowej policzka i przesuwano po jej powierzchni. Gdy błona śluzowa jest odpowiednio nawilżona, lusterko łatwo przesuwano się po błonie śluzowej i można je od niej odebrać. Gdy jama ustna jest sucha, lusterko stomatologiczne porusza się z oporem i trudno je odsunąć od błony śluzowej. Jest to test zero-jedynkowy. Higiena protez zębowych była oceniana według wskaźnika płytki nazębnej dla protez całkowitych według Spiechowicza.

Pozwala on określić stan higieny protez na podstawie ilości płytki pokrywającej ich powierzchnię.

Z badania wyłączono pacjentów, którzy nie wyrazili zgody na udział w badaniu, pacjentów cierpiących na wszelkie choroby przewlekłe, na chorobę nowotworową, suchość jamy ustnej, a także pacjentów stale przyjmujących jakiekolwiek leki, antykoncepcję hormonalną lub terapię hormonalną zastępczą oraz kobiety w ciąży i karmiące piersią.

Przy braku okoliczności dyskwalifikujących pacjenta z badania, pobrano wymaz z dna jamy ustnej z okolicy podjęzykowej i dośluzówkowej powierzchni protezy górnej przy użyciu sterylnej wymazówki z podłożem transportowym Amies z węglem. Materiał był dostarczany do Laboratorium Mikrobiologicznego Katedry i Zakładu Mikrobiologii i Immunologii w Zabrze, gdzie przeprowadzono laboratoryjne badania mikrobiologiczne w celu wyizolowania i zidentyfikowania obecnych w próbkach szczepów bakterii.

Materiał pobrany od badanych pacjentów wysiewano na odpowiednie podłoża hodowlane w celu namnożenia, a następnie wyizolowania czystych kultur drobnoustrojów. Bakterie tlenowe namnażano na stałym podłożu agarowym Columbia z 5% dodatkiem krwi baraniej w temperaturze 37°C. Bakterie beztlenowe hodowano na stałym podłożu Schaedler K3 z 5% dodatkiem krwi baraniej w temperaturze 37°C w warunkach beztlenowych przy użyciu zestawów Genbag anaer firmy Biomerieux (Marcy l'Etoile, Francja). Grzyby z rodzaju *Candida* hodowano na stałym podłożu Sabouraud firmy Biomerieux (Marcy l'Etoile, Francja).

Po wyizolowaniu i namnożeniu hodowanych szczepów mikroorganizmów, ich identyfikację gatunkową przeprowadzono przy użyciu następujących zestawów odczynników: ENTEROtest 24 N, NEFERMtest 24 N, STREPTOtest 24, STAPHYtest 24, ANAEROtest 23, OXItest,

PYRAtest oraz programu komputerowego TNW_lite 6.5 do identyfikacji gatunkowej mikroorganizmów z Erba-Lachema (Brno, Czechy). Wykorzystano również następujące testy biochemiczne firmy Biomerieux (Marcy l'Etoile, Francja): Catalase, Slidex Staph Kit, API Candida. Wykonanie, odczyt i interpretację wyników testów przeprowadzono zgodnie z zaleceniami producentów zestawów odczynników diagnostycznych.

Projekt eksperymentu otrzymał pozytywną opinię Komisji Bioetycznej Śląskiego Uniwersytetu uchwałą numer PCN/CBN/0022/KB1/65/21 z 06.07.2021r.

Wyniki

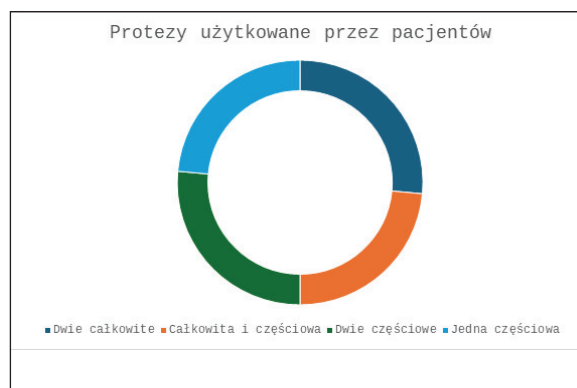
Rodzaj użytkowanych uzupełnień przez pacjentów z grupy badanej przedstawia rycina 1. Średnie wartości wskaźników higieny przedstawiają się następująco: GBI – 0,65, PPD – 2,48, OHI – 2,89, PLI – 2,86.

Rodzaje szczepów mikroorganizmów wykrytych w próbkach z dna jamy ustnej oraz płyty protez przedstawiono w tabeli nr 1. Liczbę wykrytych szczepów przedstawiono na rycinie 2.

Spośród wszystkich wyhodowanych szczepów z obu próbek od każdego pacjenta zanotowano odsetek szczepów wspólnych dla obu miejsc poboru. Zgodność u poszczególnych pacjentów przedstawiono na rycinie 3. Wśród wszystkich pacjentów zgodność wynosiła od 0 do 100%, jednak średnia zgodność wyizolowanych szczepów wyniosła 34,7%, przy czym większą różnorodność notowano wśród próbek z dna jamy ustnej. Nie stwierdzono zależności między zgodnością a rodzajem użytkowanej protezy (częściowa czy całkowita).

Dyskusja

Mimo iż literatura poświęcona płytce protez zębowych jest znacznie bardziej uboga niż



Ryc. 1. Protezy użytkowane przez pacjentów z grupy badanej.



Ryc. 2. Liczba szczepów wykrytych w próbkach z dna jamy ustnej i płyty protez.



Ryc. 3. Zgodność szczepów z próbek z dna jamy ustnej i płyty protez u jednego pacjenta.

ta poświęcona płytce nazębnej, w ciągu ostatnich 40 lat stale wzrasta zainteresowanie tym wyjątkowym biofilmem i jego wpływem na zdrowie.¹³ Mikrobiom jamy ustnej obejmuje zróżnicowaną grupę organizmów, obejmującą bakterie, archeony, grzyby, pierwotniaki i wirusy, występującą w zawieszynie w ślinie jako faza planktonowa lub jako biofilm płytki

Tabela 1. Szczepy mikroorganizmów wykryte na płycie protezy i w dnie jamy ustnej

Szczepy wykryte w próbkach z dna jamy ustnej	Szczepy wykryte w próbkach z płyty protez
<i>Streptococcus australis</i> <i>S. gordonii</i> , <i>S. mitis</i> , <i>S. parasanguinis</i> , <i>S. peroris</i> , <i>S. pneumoniae</i> , <i>S. salivarius</i> , <i>S. sanguinis</i> , <i>S. vestibularis</i> .	<i>Streptococcus acidominimus</i> , <i>S. australis</i> <i>S. mitis</i> , <i>S. mutans</i> , <i>S. oralis</i> , <i>S. parasanguis</i> , <i>S. salivarius</i> , <i>S. sanguinis</i> , <i>S. sanguis</i> , <i>S. vestibularis</i> , <i>S. warneri</i> .
<i>Neisseria mucosa</i> , <i>N. subflava</i> , <i>N. sicca</i> .	<i>Neisseria cinerea</i> <i>N. mucosa</i> , <i>N. sicca</i> , <i>N. subflava</i> .
<i>Mitsuokella multacida</i>	<i>Mitsuokella multacida</i>
<i>Clostridium butyricum</i> , <i>C. chauvoei</i> , <i>C. perfringens</i> , <i>C. tertium</i> .	<i>Clostridium butyricum</i> , <i>C. chauvoei</i> , <i>C. histolyticum</i> , <i>C. perfringens</i> .
<i>Staphylococcus chromogenes</i> , <i>S. epidermidis</i> , <i>S. haemolyticus</i> .	<i>Staphylococcus aureus</i> , <i>S. hominis</i> .
<i>Actinomyces israelii</i> , <i>A. naeslundii</i> , <i>A. odontolyticus</i> .	<i>Actinomyces israelii</i> , <i>A. naeslundii</i> , <i>A. viscosus</i> .
<i>Klebsiella pneumoniae</i> , <i>K. oxytoca</i> , <i>Candida albicans</i> , <i>C. tropicalis</i> , <i>Escherichia coli</i> , <i>Gemella spp</i> , <i>Sarcina spp</i> , <i>Brevibacillus spp</i> , <i>Haemophilus influenzae</i> , <i>Rothia mucilagenosa</i> , <i>Bifidobacterium dentium</i> , <i>Atopobium parvulum</i> , <i>Veillonella parvula</i> , <i>Campylobacter ureolyticus</i> , <i>Lactobacillus fermentum</i> , <i>Peptococcus niger</i> , <i>Schaalia odontolytica</i> .	<i>Klebsiella pneumoniae</i> , <i>K. oxytoca</i> , <i>Candida albicans</i> , <i>Escherichia coli</i> , <i>Gemella spp</i> , <i>Rothia mucilagenosa</i> , <i>Bifidobacterium dentium</i> , <i>B. odolescentis</i> , <i>Propionibacterium acnes</i> , <i>Alloscardovia omnicalens</i> , <i>Enterobacter aerogenes</i> , <i>Acinetobacter jejuni</i> , <i>Enterobacter asburiae</i> , <i>Prevotella oralis</i> , <i>Capnocytophaga ochracea</i> , <i>Limosilactobacillus fermentum</i> .

nazębnej. Homeostaza biofilmu płytki nazębnej i jego symbiotyczna relacja z gospodarzem ma kluczowe znaczenie dla zdrowia jamy ustnej. Brak równowagi lub dysbioza w biofilmie płytki nazębnej jest czynnikiem inicjującym choroby jamy ustnej, takie jak próchnica i choroby przyzębia.¹⁴ Zmniejszenie bioróżnorodności stwierdzone u pacjentów użytkujących uzupełnienia protetyczne sugeruje, że dysbioza może przyczyniać się do wystąpienia zakażenia.¹⁵ Porównano różnorodność tych samych grup próbek wśród pacjentów użytkujących protezy częściowe lub całkowite i ujawniono, że próbki z protez częściowych były istotnie bardziej zróżnicowane niż próbki z protez całkowitych, zarówno na powierzchni protezy, jak i na powierzchni błony śluzowej. Ponadto pacjenci z brakami częściowymi lub uzębieniem resztkowym mieli istotnie bardziej zróżnicowany mikrobiom niż pacjenci z bezzębiem.¹⁶ W innym badaniu analiza ilościowa wykazała, że ilość biofilmu z bakteriami ogółem ze śliny lub szczepu *S. mutans* lub grzybów z rodzaju *C. albicans* utworzonego na czystym tytanie i stopie złota, miedzi i platyny była prawie taka sama lub wyższa niż utworzonego na powierzchni polimetakrylu metylu (PMMA), podczas gdy ilość biofilmu utworzonego na stopie srebra, palladu, miedzi i złota była niższa niż na PMMA. Z kolei jakościowa analiza biofilmu sugerowała, że składniki bakteryjne w biofilmach były zróżnicowane i znacznie różniły się w zależności od stopów metali. W biofilmach przylegających do stopów jak i żywicy znajdowały się mikroorganizmy jamy ustnej związane z próchnicą, chorobami przyzębia, zachłystowym zapaleniem płuc i innymi chorobami ogólnoustrojowymi.¹⁷ W kolejnym badaniu stwierdzono, że klamry protez szkieletowych stanowią siedlisko bardzo zróżnicowanej populacji bakterii, która rozwija się w złożoną, dojrzałą społeczność, obejmującą potencjalne patogeny przyzębia i patogeny oportunistyczne.¹⁸

Najnowsze wytyczne oparte na dostępnych badaniach sugerują, że usuwanie biofilmu bakteryjnego ma kluczowe znaczenie dla utrzymania dobrego zdrowia oraz zapobiegania stomatopatii protetycznej. Rozwój płytki protez i retencja drobnoustrojów są wspomagane i wzmacniane przez nieregularną powierzchnię tworzywa protez. Wyniki badań pokazują, że pomimo aktywnych zabiegów na powierzchni PMMA zatrzymywały się znaczne ilości mikroorganizmów, które mogły zostać uwolnione tylko przez zastosowanie myjki ultradźwiękowej.¹⁹ Różne czynniki środowiskowe, takie jak temperatura, pH, potencjał redoks, siła jonowa i ciśnienie osmotyczne, wpływają na wzrost i metabolizm mikroorganizmów. Wszystkie te warunki wewnętrzne, zwłaszcza na powierzchniach zębów, nie są jednorodne.¹⁴

Przeciwwzpalne funkcje układu odpornościowego błony śluzowej jamy ustnej wydają się mieć kluczowe znaczenie dla homeostazy błony śluzowej jamy ustnej. Bariera błony śluzowej jamy ustnej jest narażona na działanie unikalnych i zróżnicowanych społeczności mikroorganizmów, które mają zdolność stymulowania układu odpornościowego, szczególnie w przypadku zapalenia przyzębia lub innych chorób zapalnych jamy ustnej.²⁰ W przypadku kiedy przepływ śliny jest zmniejszony, jej skład ulega zmianie, co prowadzi do dysbiozy i ryzyka wystąpienia chorób jamy ustnej. Składniki śliny stanowią ważne źródło składników odżywczych dla wielu mikroorganizmów, a złożona interakcja wielu nieorganicznych i organicznych składników śliny jest niezbędna do utrzymania zrównoważonej i korzystnej mikrobioty oraz symbiozy.²¹ Procesy biologiczne leżące u podstaw przedstawionych ustaleń są złożone i wymagają dalszych badań. Fizjologiczne różnice, które występują wraz z wiekiem, mogą zmieniać fizyczne i immunologiczne środowisko, w którym znajduje się mikrobiota śliny. Starzejący się organizm charakteryzuje się zarówno zwiększoną immunosenescencją,

jak i skłonnością do procesów zapalnych. Ten zmieniający się stan odpornościowy znajduje również odzwierciedlenie w składzie mikrobioty jamy ustnej.

Istnieje wiele czynników genetycznych, które mogą wpływać na skład mikrobioty jamy ustnej, w tym ekspresja enzymów, takich jak amylaza i lizozym, białka bogate w prolinę, szybkość przepływu śliny, która wpływa na pH i stężenie jonów, małe cząsteczki obecne w ślinie, takie jak histatyny i cystatyny czy mucyny.^{22,23}

Badania *Fujinamiego* i wsp. porównujące mikrobiotę jamy ustnej, płytki nazębnej i płytki protez wykazały, że skład mikrobiologiczny płytki protezy jest w pewnym stopniu zależny od składu płytki nazębnej, jako że mikrobiota obu pochodzi z mikrobioty jamy ustnej. Zaobserwowano jednak mniejsze zróżnicowanie mikrobioty płytki protezy niż płytki nazębnej, co mogło być spowodowane sposobem użytkowania protez i ich higieną.²³

Podsumowanie

W przeprowadzonym badaniu nie stwierdzono jednoznacznej zależności między mikrobiotą jamy ustnej i użytkowanych protez. Duże zróżnicowanie wyników może sugerować konieczność zwrócenia uwagi również na prawidłowość wykonania technicznego protez (stopień wypolerowania, prawidłowe spolimerizowanie materiału) oraz ich dopasowanie do podłoża. Wyniki te mogą sugerować również duży wpływ śliny oraz czynników środowiskowych na skład mikrobioty jamy ustnej, a jest on osobniczo zróżnicowany.

Prawidłowa higiena protez może wpływać nie tylko na błonę śluzową będącą w bezpośrednim kontakcie z płytą protezy, ale również na dobrostan całej jamy ustnej i, co za tym idzie, całego organizmu. Jednak w celu uzyskania bardziej wiarygodnych danych konieczne jest przeprowadzenie dalszych badań.

Piśmiennictwo

1. *Sedghi L, DiMassa V, Harrington A, Lynch SV, Kapila YL*: The oral microbiome: Role of key organisms and complex networks in oral health and disease. *Periodontol* 2000 2021; 87: 107-131. doi: 10.1111/prd.12393
2. *Yamashita Y, Toru Takeshita T*: The oral microbiome and human health, *J Oral Sci* 2017; 59, 2: 201-206. doi: 10.2334/josnusd.16-0856
3. *Kilian M, Chapple I, Hannig M, et al.*: The oral microbiome – an update for oral health-care professionals. *Br Dent J* 2016; 221: 657-666. doi: 10.1038/sj.bdj.2016.865
4. *Baker JL, Mark Welch JL, Kauffman KM, et al.*: The oral microbiome: diversity, biogeography and human health. *Nat Rev Microbiol* 2024; 22: 89-104. doi: 10.1038/s41579-023-00963-6
5. *Liu S, Wang S, Zhang N, Li P*: The oral microbiome and oral and upper gastrointestinal diseases. *J Oral Microbiol*, 2024; 16(1). doi: 10.1080/20002297.2024.2355823
6. *Sultan AS, Kong EF, Rizk AM, Jabra-Rizk MA*: The oral microbiome: A Lesson in coexistence. *PLoS Pathog* 2018; 14(1). doi: 10.1371/journal.ppat.1006719
7. *Mark Welch JL, Dewhirst FE, Borisy GG*: Biogeography of the Oral Microbiome: The Site-Specialist Hypothesis, *Annu Rev Microbiol.* 2019; 08, 73: 335-358. doi: 10.1146/annurev-micro-090817-062503
8. *Krishnan K, Chen T, Paster BJ*: A practical guide to the oral microbiome and its relation to health and disease, *Oral Dis* 2017; 23(3): 276-286. doi: 10.1111/odi.12509
9. *Kaan AM, Kahharova D, Zaura E*: Acquisition and establishment of the oral microbiota. *Periodontol* 2000. 2021; 86: 123-141. doi: 10.1111/prd.12366
10. *D'Ambrosio F, Santella B, Di Palo MP, Giordano F, Lo Giudice R*: Characterization of the Oral Microbiome in Wearers of Fixed

- and Removable Implant or Non-Implant-Supported Protheses in Healthy and Pathological Oral Conditions: A Narrative Review. *Microorganisms* 2023; 11(4): 1041. doi: 10.3390/microorganisms11041041
11. O'Donnell LE, Robertson D, Nile CJ, Cross LJ, Riggio M, Sherriff A, et al.: The Oral Microbiome of Denture Wearers Is Influenced by Levels of Natural Dentition. *PLoS ONE* 2015; 10(9): e0137717. doi: 10.1371/journal.pone.0137717
 12. Shi B, Wu T, McLean J, Edlund A, Young Y, He X, Lv H, Zhou X, Shi W, Li H, Lux R: The denture-associated oral microbiome in health and stomatitis. *mSphere* 2016; 1(6): e00215-16. doi: 10.1128/mSphere.00215-16
 13. Redfern J, Tosheva L, Malic S, Butcher M, Ramage G, Verran J: The denture microbiome in health and disease: an exploration of a unique community. *Lett Appl Microbiol* 2022; 75(2): 195-209. doi: 10.1111/lam.13751
 14. Samaranayake L, Matsubara VH: Normal Oral Flora and the Oral Ecosystem, *Dent Clin North Am* 2017; 61, 2: 199-215. doi: 10.1016/j.cden.2016.11.002
 15. Morse DJ, Smith A, Wilson MJ, et al.: Molecular community profiling of the bacterial microbiota associated with denture-related stomatitis. 2019; *Sci Rep* 9, 10228. doi: 10.1038/s41598-019-46494-0
 16. O'Donnell LE, Robertson D, Nile CJ, Cross LJ, Riggio M, Sherriff A, et al.: The Oral Microbiome of Denture Wearers Is Influenced by Levels of Natural Dentition. *PLoS ONE* 2015; 10(9): e0137717. doi: 10.1371/journal.pone.0137717
 17. Urushibara Y, Ohshima T, Sato M, Hayashi Y, Hayakawa T, Maeda N, Ohkubo C: An analysis of the biofilms adhered to framework alloys using in vitro denture plaque models, *Dent Mat J* 2014; 33, 3: 402-414. doi: 10.4012/dmj.2013-325
 18. Mengatto CM, Marchini L, de Souza Bernardes LA, Carvalho Gomes S, Moura Silva A, Rizzatti-Barbosa CM: Partial denture metal framework may harbor potentially pathogenic bacteria, *J Adv Prosthodont* 2015; 7: 468-474. doi: 10.4047/jap.2015.7.6.468
 19. Ramage G, O'Donnell L, Sherry L, Culshaw S, Bagg J, Czesnikiewicz-Guzik M, Robertson D: Impact of frequency of denture cleaning on microbial and clinical parameters – a bench to chairside approach. *J Oral Microbiol* 2018; 11(1). doi: 10.1080/20002297.2018.1538437
 20. Ptasiiewicz M, Grywalska E, Mertowska P, Korona-Główniak I, Poniewierska-Baran A, Niedzwiedzka-Rystwej P, Chalas R: Armed to the Teeth – The Oral Mucosa Immunity System and Microbiota. *Int J Mol Sci* 2022; 23: 882. doi: 10.3390/ijms23020882
 21. Lyng Pedersen AM, Belstrøm D: The role of natural salivary defences in maintaining a healthy oral microbiota, *J Dent* 2019; 80, 1: S3-S12. doi: 10.1016/j.jdent.2018.08.010
 22. Wells PM, Sprockett DD, Bowyer RCE, et al.: Influential factors of saliva microbiota composition. *Sci Rep* 2022; 12, 18894. doi: 10.1038/s41598-022-23266-x
 23. Fujinami W, Nishikawa K, Ozawa S, Hasegawa Y, Takebe J: Correlation between the relative abundance of oral bacteria and *Candida albicans* in denture and dental plaques, *J of Oral Biosciences* 2021; 63, 2: 175-183. doi: 10.1016/j.job.2021.02.003
- Zaakceptowano do druku: 2.12.2025 r.
Adres autorów: 41-902 Bytom, Plac Akademicki 17.
© Zarząd Główny PTS 2025.