

Mikrobiota des Brustgewebes

Dieses Papier ist Teil der Mikrobiom-Sonderausgabe 2018 von NMJ. Laden Sie die vollständige Ausgabe hier herunter.

Bezug Hieken TJ, Chen J, Hoskin TL, et al. Das Mikrobiom von aseptisch gesammeltem menschlichem Brustgewebe bei gutartigen und bösartigen Erkrankungen.

Wissenschaftliche Berichte. 2016;6:30751. Zielsetzung Bestimmung der Unterschiede zwischen residenten Mikrobiomen in Brustgewebe vs. Haut und in bösartigen vs. nicht bösartigen Brustgewebeproben. Entwurf Beobachtende Kohortenstudie Teilnehmer Bei 33 Frauen, die sich einer Brustoperation in der Mayo Clinic unterziehen sollten, wurden ihre postoperativen Proben analysiert. Bei etwa der Hälfte der Frauen wurde Brustkrebs festgestellt (n=17), und bei der Hälfte wurde eine gutartige Brusterkrankung diagnostiziert (BBB; …



Dieses Papier ist Teil der Mikrobiom-Sonderausgabe 2018 von NMJ. Laden Sie die vollständige Ausgabe hier herunter.

Bezug

Hieken TJ, Chen J, Hoskin TL, et al. Das Mikrobiom von aseptisch gesammeltem menschlichem Brustgewebe bei gutartigen und bösartigen Erkrankungen. *Wissenschaftliche Berichte*. 2016;6:30751.

Zielsetzung

Bestimmung der Unterschiede zwischen residenten Mikrobiomen in Brustgewebe vs. Haut und in bösartigen vs. nicht bösartigen Brustgewebeproben.

Entwurf

Beobachtende Kohortenstudie

Teilnehmer

Bei 33 Frauen, die sich einer Brustoperation in der Mayo Clinic unterziehen sollten, wurden ihre postoperativen Proben analysiert. Bei etwa der Hälfte der Frauen wurde Brustkrebs festgestellt (n=17), und bei der Hälfte wurde eine gutartige Brusterkrankung diagnostiziert (BBB; n=16). Alle Patientinnen mit Brustkrebs waren Östrogen- und Progesteronrezeptor-positiv und 29 % waren HER2/neu-Rezeptor-positiv (n=4). Ein Teilnehmer mit Krebs brach die Analyse ab. Von den 15 Teilnehmern mit Brustkrebs hatten 10 eine Erkrankung im Stadium I und 5 eine Erkrankung im Stadium II, und 13 % aller Brustkrebspatientinnen hatten eine Lymphknotenbeteiligung.

Bemerkenswerterweise gab es einige Unterschiede in den Merkmalen der beiden Gruppen (Frauen mit Krebs und Frauen mit BBB). Erstens war das Durchschnittsalter jeder Gruppe und dementsprechend der Menopausenstatus signifikant unterschiedlich. Das mediane Gesamalter der Kohorte betrug 60 (Bereich 33-84); das mediane Alter betrug 75 (Bereich 44-84) für Frauen mit invasivem Krebs gegenüber 49 (Bereich 33-70) für Frauen mit BBD ($p = 0,001$). Von den Frauen mit Krebs waren 86,7 % peri-/postmenopausal und 13,3 % prämenopausal,

während 53,9 % der Frauen mit BBD peri-/postmenopausal und 46,2 % prämenopausal waren ($P=0,02$). Die Zeit vom Einschnitt bis zur Probenentnahme war auch statistisch zwischen den beiden Gruppen unterschiedlich (Median 82 min vs. 52 min bei denjenigen mit Krebs bzw. denjenigen ohne; $P=0,0001$).

Das Vorhandensein einer Veränderung in der Flora, bevor die Krankheit auftritt, bedeutet, dass wir eines Tages möglicherweise in der Lage sein werden, das Risiko für die Entwicklung von Brustkrebs basierend auf dem im Gewebe vorhandenen Mikrobiom zu stratifizieren.

Bewertete Studienparameter: Intraoperative Gewebeproben der Brust und der darüber liegenden Haut wurden mittels 16S-rDNA-Tag-Sequenzierung auf mikrobielle DNA-Signaturen analysiert. Wangenabstriche und Brusthautabstriche wurden ebenfalls erhalten und auf die gleiche Weise analysiert.

Wichtige Erkenntnisse

Unterschiedliche mikrobielle Gemeinschaften bestanden im Brustgewebe im Vergleich zu Proben von darüberliegendem Hautgewebe, Brusthautabstrichen oder bukkalen Abstrichen. Beim Vergleich von Frauen mit Krebs mit Frauen mit BBD wurden deutliche Unterschiede in der mikrobiellen Gemeinschaft gefunden. Insbesondere sind mehrere Taxa, die insgesamt weniger häufig vorkommen, im Krebsgewebe gegenüber dem BBD-Gewebe angereichert, einschließlich *Fusobakterium*, *Atopobium*, *Gluconacetobacter*, *Hydrogenophaga*, und *Laktobazillen*. Schließlich unterschied sich das nahe gelegene krankheitsfreie Gewebe bei Krebspatienten im Vergleich zu dem nahe gelegenen normalen Gewebe bei Patienten mit BBD in den Taxa signifikant ($P=0,009$).

Implikationen üben

Die erste Behauptung der Autoren lautet, dass diese Studie „die Existenz eines unterschiedlichen Brustmikrobioms und Unterschiede zwischen dem Mikrobiom des Brustgewebes bei gutartigen und bösartigen Erkrankungen bestätigt“. Der erste Teil davon mag eine kleine Neuigkeit für Naturheilpraktiker sein, die die Gesundheit von Säuglingen beeinträchtigt haben, indem sie die Flora der Mutter verändert haben, oder die empfohlen haben, vor dem Füttern ein wenig Säuglingsprobiotikum auf die Brustwarze zu geben. Wir haben lange angenommen, dass Organismen aus der Brust stammen. Vielleicht haben wir dieses Wissen auf die 2 Studien aus den 1980er Jahren gestützt^{1,2} das deutete auf die Existenz einer ausgeprägten Brustflora hin, oder vielleicht glaubten wir einfach an das Fehlen von Beweisen. Laut den Autoren der aktuellen Studie wurden die Studien aus den 1980er Jahren, in denen verschiedene Bakterien in der Brust gefunden wurden, weitgehend abgelehnt, wobei Kritiker darauf hinwiesen, dass die Bakterien wahrscheinlich Verunreinigungen von der Haut seien.

Interessanterweise scheint die Existenz körpereigener Bakterien in der Brust zwar eine Neuigkeit in der Medizin zu sein, sie scheint aber auch in Kreisen der plastischen Chirurgie ein „offenes Geheimnis“ gewesen zu sein. Diese Bakterien stehen im Verdacht, die Ursache einer subklinischen Infektion zu sein, die für eine Kapselkontraktur nach der Implantation verantwortlich ist.³ Ungeachtet dessen bestätigt die hier besprochene Studie unsere lang gehegte Annahme, dass die Brust ihr eigenes, einzigartiges Mikrobiom hat. So viel ist glasklar.

Der faszinierendere Aspekt der hier besprochenen Studie ist das Vorhandensein unterschiedlicher Mikroben in krebsartigem Brustgewebe im Vergleich zu BBB. Die dominante Taxonomie war nicht unterschiedlich, Bacteroidetes und Firmicutes dominierten beide Proben. Die Unterschiede lagen in den höheren Ebenen der normalerweise sehr geringen Flora:

*Fusobakterium, Atopobium, Hydrogenophaga,
Gluconacetobacter und Laktobazillen (P*

Details

Besuchen Sie uns auf: natur.wiki