

molecules and protective properties of the oral fluid loosening. Defined hypoamylasemia is a consequence of reduced function of parotid glands, damage of secretory cells by products of vital activity of microorganisms. Increased alkaline and acid phosphatase activity contributes to the destruction of periodontal tissues, the release of enzymes from connective tissue cells and the reduction of reparative processes. The influence of electromagnetic radiation is also determined to show an activation of the kinin system that can initiate inflammatory processes in the oral cavity.

Key words: electromagnetic radiation, oral fluid, total protein, proteolytic activity, enzymes.

Рецензент – проф. Ткаченко І. М.
Стаття надійшла 27.12.2018 року

DOI 10.29254/2077-4214-2019-1-1-148-343-347

УДК 616.31-053.2+616-089.23:57.083.1

Мельник В. С., Горзов Л. Ф., Ізай М. Е.

ЗМІНИ ОРАЛЬНОГО МІКРОБІОМУ ДІТЕЙ ПРИ ЛІКУВАННІ НЕЗНІМНОЮ ОРТОДОНТИЧНОЮ АПАРАТУРОЮ

ДВНЗ «Ужгородський національний університет» (м. Ужгород)

liudmyla.horzov@uzhnu.edu.ua

Зв'язок публікації з плановими науково-дослідними роботами. Дана робота є фрагментом комплексної теми науково-дослідної роботи кафедри дитячої стоматології стоматологічного факультету ДВНЗ «Ужгородський національний університет» «Профілактика, діагностика, лікування основних стоматологічних захворювань у дітей Закарпаття» (№ державної реєстрації 0116U003555).

Вступ. Оральний мікробом є найбільш вивченим в людському організмі. Він нараховує більше ніж 600 поширених таксонів мікроорганізмів, на рівні видів. Проте тільки 54% мають офіційні назви, 14% – ще не названі, але культивовані та близько 32% – відомі, як некультивовані філотиipi. Мікроорганізми ротової порожнини здатні колонізувати тверді поверхні зубів і м'які тканини слизової оболонки, створюючи специфічні індивідуальні асоціації [1].

В світлі сучасних уявлень про оральну мікробіоту, по-іншому розглядаються всі процеси, які з нею пов'язані. Тобто патологічні зміни тканин пародонту, дегенеративно-дистрофічні зміни зубощелепового апарату та порушення фізико-хімічних процесів в ротовій порожнині можуть спричинити не тільки конкретні мікроорганізми, які відіграють роль біоіндикаторів. Мова йде про функціональні зміни співвідношення асоціацій мікроорганізмів [2].

Дані мікробіологічні асоціації в людини при певних умовах можуть бути представниками нормобіоти, а при зміні цих умов викликати розвиток патологічного процесу. Головну роль відіграє не родовий склад (видовий склад може змінюватись), а порушення співвідношення мікроорганізмів, яке і є діагностичним. Це персоніфіковані зміни і з ними розуміємо, що не окремі мікроорганізми, а їхні асоціації функціонально призводять до патологічних змін ротової порожнини [3].

Незважаючи на сьогоднішню популярність незнімної ортодонтичної апаратури і значне підвищення її ефективності, питома вага різних ускладнень, включаючи зміни тканин пародонту, досить висока – від 32,7 до 50%. Частка хронічного катарального гінгівіту складає 38% [4]. Додаткові ретенційні пункти сприяють накопиченню зубного нальоту та швидкому утворенню зубної бляшки. Катаральні гінгівіти завжди асоційовані з мікроорганізмами ротової порожнини. Дане захворювання важко піддається лікуванню, а наявність брекет-системи ще більше

утруднює виконання процедур особистої та професійної гігієни, спрямованих на усунення етіологічних чинників [5].

Історично гінгівіти пов'язані з такими індикаторними мікроорганізмами, як: *Porphyromonas gingivalis*, *Actinobacillus actinomycetemcomitans*, *Eikenella corrodens*, *Fusobacterium nucleatum*; але у світлі нових уявлень має сенс дослідити функціональні зміни асоціацій мікроорганізмів [5].

Значна частота хронічного катарального гінгівіту, який виникає на тлі ортодонтичного лікування, не викликає сумнівів щодо доцільності наукових досліджень, спрямованих на вивчення співвідношень асоціацій мікроорганізмів. Дані наукові дослідження потрібні задля ранньої діагностики та правильного підбору методів і засобів гігієни [6,7,8].

Мета дослідження – дослідити легко діагностовані зміни мікробних асоціацій, що має значення з метою виявлення ранніх маркерів та для правильної профілактики та розпрацювання методологічних підходів.

Об'єкт і методи дослідження. Всього обстежено 62 дітей 12-15 річного віку з незнімною ортодонтичною апаратурою. Вікова уніфікація контингенту пацієнтів обумовлена, фактом того, що в період постійного прикусу у дітей тканини пародонту мають зрілу диференційовану морфологічну структуру і визначені в них зміни не можуть бути пов'язані з їх формуванням та періодами росту. До постановки ортодонтичної апаратури дані пацієнти мали здорові тканини пародонту.

З обстежених пацієнтів сформовано 2 групи:

I група – 32 дітей, пацієнти з хронічним катаральним гінгівітом, що виник в процесі ортодонтичного лікування. Серед них за гендерною ознакою 17 дівчат та 15 хлопців.

II група – контрольна – 30 практично здорових дітей того ж віку (15 дівчат та 15 хлопців).

Матеріалом мікробіологічного дослідження були змиви ротової порожнини. Визначення видового складу орального мікробіому проводилось на початку ортодонтичного лікування – 3 місяць, та в контрольних точках – 6 місяць та 12 місяць після фіксації брекет-системи. Пацієнтам у яких виявляли хронічний катаральний гінгівіт лікування не проводилося впродовж всього періоду дослідження.

Таблиця 1.

Характеристика середніх значень титрів мікроорганізмів на першому етапі лікування НОА КУО/мл, (M±m)

Роди мікроорганізмів	Діти з хронічним катаральним гінгівітом		Діти без запальних захворювань пародонта	
	Абс.	Ig КУО/мл	Абс.	Ig КУО/мл
<i>Streptococcus spp.</i>	32	8,07±0,30*	27	3,29±0,12
<i>Staphylococcus spp.</i>	6	4,76±0,21*	2	1,11±0,05
<i>Enterobacteriaceae spp.</i>	10	1,22±0,06*	4	0,89±0,07
<i>Lactobacillus spp.</i>	11	2,37±0,07*	18	2,47±0,16
<i>Veillonella spp.</i>	5	4,96±0,16*	1	1,36±0,08
<i>Neisseria spp.</i>	3	2,32±0,11*	–	–
<i>Peptostreptococcus spp.</i>	26	4,16±0,19*	19	1,23±0,05
<i>Candida spp.</i>	15	4,23±0,23*	3	1,03±0,10
<i>Actinobacillus spp.</i>	24	2,56±0,13*	11	1,20±0,05

Примітка: * – показник достовірності відмінностей порівняно із показником титру мікробного складу дітей зі здоровим пародонтом при лікуванні НОА (p<0,05).

Титри мікроорганізмів визначали за допомогою методу серійних розведень за кількістю КУО/мл після їхнього перерахунку у відповідності до висяного розведення.

Висіви змивів ротової порожнини здійснювали з використанням хромогенних селективних поживних середовищ для ізоляції та ідентифікації основних груп відомих представників орального мікробіому.

Рід *Streptococcus* виділяли з розведень 10³-10⁷ на *Streptococcus Agar* культивували протягом 1-2 діб; Рід *Staphylococcus* виділяли з розведень 10²-10⁶ на жовтково-сольовому агарі, *Yolk-Salt Agar*, культивували протягом 1-2 діб; Рід *Peptostreptococcus* виділяли з розведень 10³-10⁶ на м'ясо-пептонному агарі, МПА, культивувати протягом 1-2 діб; Рід *Enterococcus* виділяли з розведень 10⁴-10⁸ на ентерокок агарі, культивували протягом 1-2 діб; Рід *Neisseria* виділяли з розведень 10¹-10⁵ на Мюллера-Хінтона агар-культивували протягом 1-2 діб в анаеробних умовах; Гриби роду *Candida* виділяли з розведень 10³-10⁵ на *Sabouroud Agar* культивували протягом 2-3 діб; Рід *Lactobacillus* виділяли з розведень 10³-10⁷ на *Lactobacillus MRS Agar* культивували протягом 2-3 діб в мікроаерофільних умовах; Рід *Bifidobacterium* виділяли з розведень 10²-10⁸ на середовищі Блаурокка культивували протягом 2-3 діб в анаеробних умовах; Рід *Veillonella* виділяли з розведень 10¹-10⁵ на *Veillonella Agar Base*, культивували протягом 1-2 діб в анаеробних умовах; Рід *Bacteroides* виділяли з розведень 10⁵-10⁷ на Хенеля агар, культивували протягом 4-5 діб в анаеробних умовах.

Загальну кількість мікроорганізмів родини *Enterobacteriaceae* визначали шляхом посіву 100 мікролітрів суспензії з розведень 10⁵-10⁸ на чотири сектори середовища Ендо і цитратне середовище Сіммонса. З розведення 10³ здійснювали посів 100 мікролітрів суспензії на середовище Плоскірева.

Загальне число аеробних бактерій та їхні гемолітичні властивості визначали шляхом посіву 100 мікролітрів суспензії з розведень 10⁵-10⁷ на кров'яний агар, встановлювали відсоток культур із гемолітичними властивостями серед колоній одного виду.

Культурально-біохімічні властивості вивчали застосовуючи базові мікробіологічні методики, так і за допомогою напівавтоматичних біохімічних тест-систем: API 32E, API NH, API 20 C AUX, API STREP, API STAPH, API 20 NE, API 50 CH, API 50 CHB, API CANDIDA, API CORYNE, (виробництво компанії «BioMérieux», Франція), ANAERO-test 23, STREPTOT-test 16, STAPHY-test 16, CANDIDA-test 21, ENTERO-test 24 PLIVA (виробництво компанії «Lachema Diagnostika s.r.o», Чеська Республіка).

Додаткову заключну ідентифікацію здійснювали методом MALDI-TOF MS за результатами незалежного аналізу.

Всі мікробіологічні методи дослідження були адаптовані до наказу МОЗ №535 «Про уніфікацію мікробіологічних методів дослідження, що застосовуються в клініко-діагностичних лабораторіях».

Результати досліджень та їх обговорення. Дослідження мікробного складу змивів ротової порожнини пацієнтів з клінічними ознаками запальних захворювань тканин пародонта на тлі користування

брекет-системою дозволили встановити характерні якісні та кількісні зміни орального мікробіому (**табл. 1**). До проведення ортодонтичного лікування, тобто до постановки брекет-системи, ознак запалення тканин пародонту у даних пацієнтів не спостерігали.

Узагальнені середньостатистичні результати стосовно оцінки родового складу мікробіоценозу на першому етапі ортодонтичного лікування дозволили встановити високі показники кількісного співвідношення мікроорганізмів в змивах ротової порожнини дітей з запальними захворюваннями тканин пародонту в порівнянні з такими без них для всіх виділених штамів. На початку ортодонтичного лікування у дітей з клінічними проявами запальних захворювань тканин пародонту, в 32 пацієнтів виділяли мікроорганізми *Streptococcus spp.*, в 26 пацієнтів *Peptostreptococcus spp.*, в 10 осіб родини *Enterobacteriaceae*, в 15 дітей ідентифікували гриби роду *Candida*.

Представників нормальної мікробіоти порожнини рота, *Lactobacillus spp.*, виділяли у 11 осіб.

Слід зауважити, що *Streptococcus spp.* і *Peptostreptococcus spp.* домінують як у групі контролю, так і у дітей із запальними захворюваннями тканин пародонта. Тому про безпосередній вплив цієї групи мікроорганізмів на розвиток та підтримку запального процесу в яснах говорити не можна.

До того ж поширеність родів *Neisseria* та *Veillonella* у дітей I групи достовірно вища (оскільки p < 0,05), ніж у дітей II групи, що може слугувати індикатором захворювання. Також варто зауважити, що попри високу поширеність мікроорганізмів у дітей II групи, їх кількісні показники залишаються невисокими.

Оральний мікробіом представлений мікроорганізмами роду *Streptococcus*, *Lactobacillus*, *Bifidobacterium* *Staphylococcus*. Роди *Actinobacillus* *Veillonella*, *Neisseria*, гриби роду *Candida*, та мікроорганізми родини *Enterobacteriaceae*, як правило, ізолювали у дітей із запаленням, у здорових дітей цей вид мікроорганізмів визначали значно рідше.

Отже, гетерогенність родів мікробного складу змивів ротової порожнини беззаперечно має місце.

Факт порушення нормоценозу є опосередкованим показником наявності захворювання, а індика-

Таблиця 2.
Характеристика середніх значень титрів мікроорганізмів на другому етапі ортодонтчного лікування КУО/мл, (M±m)

Роди мікроорганізмів	Діти з хронічним катаральним гінгівітом		Діти без запальних захворювань пародонта	
	Абс.	Ig КУО/мл	Абс.	Ig КУО/мл
<i>Streptococcus spp.</i>	32	8,56±0,5*	28	3,87±0,11
<i>Staphylococcus spp.</i>	5	4,11±0,21*	1	1,09±0,06
<i>Candida spp.</i>	15	5,24±0,15*	3	1,03±0,04
<i>Enterobacteriaceae spp.</i>	5	0,92±0,05*	3	0,79±0,06
<i>Lactobacillus spp.</i>	16	2,69±0,04*	20	2,87±0,14
<i>Veillonella spp.</i>	6	5,16±0,09*	2	1,25±0,11
<i>Neisseria spp.</i>	6	2,98±0,13*	–	–
<i>Peptostreptococcus spp.</i>	32	5,13±0,12*	20	1,28±0,08
<i>Actinobacillus spp.</i>	22	2,36±0,13*	14	1,14±0,07

Примітка: * – показник достовірності відмінностей порівняно з дітьми без запальних захворювань пародонта при лікуванні НОА (p<0,05).

Таблиця 3.
Характеристика середніх значень титрів мікроорганізмів на третьому етапі ортодонтчного лікування КУО/мл, (M±m)

Роди мікроорганізмів	Діти з хронічним катаральним гінгівітом		Діти без запальних захворювань пародонта	
	Абс.	Ig КУО/мл	Абс.	Ig КУО/мл
<i>Streptococcus spp.</i>	32	9,15±0,70*	28	3,92±0,10
<i>Staphylococcus spp.</i>	6	4,71±0,23*	2	1,19±0,07
<i>Candida spp.</i>	10	3,75±0,13*	3	1,13±0,05
<i>Enterobacteriaceae spp.</i>	11	2,32±0,06*	3	0,56±0,04
<i>Lactobacillus spp.</i>	17	2,25±0,03*	19	2,77±0,15
<i>Veillonella spp.</i>	7	5,78±0,12*	2	1,26±0,14
<i>Neisseria spp.</i>	8	3,28±0,14*	1	0,43±0,02
<i>Peptostreptococcus spp.</i>	32	5,13±0,11*	21	1,51±0,04
<i>Actinobacillus spp.</i>	21	2,45±0,12*	13	1,13±0,02

Примітка: * – показник достовірності відмінностей порівняно з дітьми без запальних захворювань пародонта при лікуванні НОА (p<0,05).

тором запалення в ротовій порожнині можуть слугувати види: *Actinobacillus actinomycetemcomitans*; *Candida albicans*; *Peptostreptococcus micros*; *Streptococcus anaerobius*; *Streptococcus intermedius*; *Veillonella parvula*; *Neisseria spp.*; *Eikenella corodens*.

На другому етапі ортодонтчного лікування бактерії родів *Streptococcus* і *Peptostreptococcus* ізолювали в 32 пацієнтів.

Частота бактерій *Lactobacillus spp.* збільшилася на 15% і ізолювали у 16 осіб, а бактерій родини *Enterobacteriaceae* зменшилася на 19% (табл. 3).

У пацієнтів, на другому етапі ортодонтчного лікування, гриби роду *Candida* визначали у 19 осіб у порівнянні з першим етапом.

Дослідження змивів ротової рідини проведені на другому етапі показали незначні відмінності в їх родовому мікробному складі (табл. 2).

На третьому етапі ортодонтчного лікування показники мікроорганізмів виділених із змивів ротової рідини, зокрема *Streptococcus spp.* і *Peptostreptococcus spp.* не змінилася.

Частота виявлення бактерій *Enterobacteriaceae* (34,2%) збільшилася на 20%, а грибів роду *Candida* зменшилася з 49,3 до 32,3%.

Частота ідентифікації *Lactobacillus spp.* склала 52,5% (табл. 3).

Результати мікробіологічного дослідження у дітей на різних етапах ортодонтчного лікування показали приріст кількості бактерій, що за сприятливих для них умов може загрожувати не тільки запаленням тканин пародонта, але й подальшою їх деструкцією.

На сьогоднішній день в літературі не наведено характеристики індивідуальної різноманітності мікроорганізмів, наявності індивідуальної норми. В сучасних дослідженнях патогенність мікроорганізмів необхідно оцінювати не за таксономічними показниками, а за здатністю до функціональних змін асоціацій мікроорганізмів. Як правило, дослідникам не вдається знайти стабільну (достовірну) закономірність між цими змінами і патологією, адже необхідно враховувати саме індивідуальні відмінності.

В даній науково-дослідній роботі використано новий «подвійний» метод. Нами було враховано індивідуальні зміни в динаміці. Використано не прості, а системні кореляції – здійснено пошук залежності між швидкістю та тенденцією до функціональних змін асоціацій мікроорганізмів.

Нам вдалося виявити абсолютно інноваційні тенденції – мікроорганізми, які були на початку дослідження вважалися нормобіотою і мали антагоністичні властивості до пародонто-патогенів, при зміні умов навколишнього середовища в бік патології, змінюють свої функціональні властивості на протилежні. Дані мікроорганізми втрачають здатність до захисту та починають створювати біоплівки. Таким чином, формуються нові групи та змінені асоціації, які можуть бути діагностичними вже на ранніх етапах лікування.

Наявність тенденції до функціональних змін співвідношення асоціацій мікроорганізмів – беззаперечно змінює систему оцінювання та ранньої діагностики запальних захворювань тканин пародонту.

При лікуванні брекет-системами в ротовій порожнині створюються специфічні умови, що спричинюють розлади слиновиділення, жування і ковтання, а це в свою чергу завжди призводить до наростання кількості та різноманітності мікроорганізмів в ротовій порожнині та утворення біоплівок. Даний напрям є новим, оскільки невивченими залишаються процеси її формування та немає чітких напрацьованих рекомендацій.

За результатами мікробіологічного дослідження, слід відзначити неоднорідність видового складу мікробіому ротової порожнини. У 100% дітей I групи (з запальними захворюваннями тканин пародонта) під час ортодонтчного лікування визначали наявність і підвищення показників патогенних та умовно-патогенних мікроорганізмів. Разом з цим зазначалось значне зниження показників сапрофітних мікроорганізмів, що узгоджується із результатами досліджень Rego R.O., Oliveira C.A., Santos-Pinto A. [9]. За даними Diaz P.I. клінічні дослідження, що оцінюють структуру співвідношення повинні бути в поєднанні з біологічно відповідними моделями, що дозволяють оцінити екологічні детермінанти мікроорганізмів [10].

Прогрес в області молекулярних методів діагностики призвів до значного вивчення різноманітності людського мікробіому та ступінь його взаємодії з людським організмом. Розвиток зубної бляшки більше не можна розглядати як загальний процес, оскільки це високо індивідуалізований процес, який має наслідки для лікування захворювань [11]. Значний відсоток виявлення мікроорганізмів роду *Streptococcus*. узгоджується з даними досліджень Nicolas GG, Lavoie MC., які стверджують, що двадцять п'ять видів стрептококів колонізують ротову порожнину людини і складають близько 20% від загальної кількості бактерій ротової порожнини [12]. Як стверджують Gong Y., Lu J., Ding X., пародонтопатогени мають зв'язок з початком та розвитком ортодонтично-індукованих запальних процесів у яснах, що корелює з результатами нашого дослідження [13].

Van Gastel J., Quirynen M., Teughels W. [та ін.] в своїх дослідженнях показали, що встановлення незнімних ортодонтичних апаратів впливає як на мі-

кробні так і на клінічні параметри пародонта, які частково нормалізуються лише через 3 місяці після їх зняття [14].

Висновки. В ротовій порожнині домінуючими є роди *Streptococcus*, *Peptostreptococcus*, *Lactobacillus*, *Bifidobacterium*, *Enterococcus*, *Staphylococcus*. У дітей із незнімною ортодонтичною апаратурою в ротовій рідині ідентифікували мікроорганізми, які не властиві нормальному мікробіому ротової порожнини, спостерігали збільшення пародонто-патогенних мікроорганізмів, які належать до родів *Veillonella Neisseria*, *Actinobacillus*, гриби роду *Candida* та родини *Enterobacteriaceae*, які за сприятливих умов можуть спричинювати і посилювати запальний процес в тканинах пародонта.

Перспективи подальших досліджень. Аналіз віддалених результатів у дітей із незнімною ортодонтичною апаратурою та ідентифікації мікроорганізмів, які можуть спричинювати і посилювати запальний процес в тканинах пародонта.

Література

1. Samaranayake L, Matsubara VH. Normal oral flora and the oral ecosystem. Dent Clin North Am. 2017 Apr;61(2):199-215.
2. Shylyvskiy IV, Nemesh OM, Honta ZM. Suchasni pohliady na etiologiyu ta patohenez zapalnykh zakhvoriuvan parodonta, yikh vzaiemozviazok iz patolohiieiu sechovydilnoi systemy (ohliad literatury ta vlasni doslidzhennia). Bukovynskiy medychniy visnyk. 2016;20(1):224-7. [in Ukrainian].
3. Wade WG. New aspects and new concepts of maintaining "microbiological" health. J Dent. 2010 Jun;38(1):21-5.
4. Petrushanko TA, Kirilenko MA. Analiz faktorov riska bolezney parodonta pri ispolzovanii breket-sistem. Ukrainskyi stomatolohichnyi almanakh. 2013;5:35-8. [in Russian].
5. Diaz PI. Microbial diversity and interactions in subgingival biofilm communities. Front Oral Biol. 2012;15:17-40.
6. Ulitovskiy SB. Gigiena v ortodontii. SPb.: Chelovek; 2012. 152 s. [in Russian].
7. Demling A. Short-term influence of lingual orthodontic therapy on microbial parameters and periodontal status. Angle Orthod. 2010;80(3):480-4.
8. Green IC. The simplified oral hygiene index. Journal of the American Dental Association. 1964;68:7-13.
9. Rego RO, Oliveira CA, Santos-Pinto A. Clinical and microbiological studies of children and adolescents receiving orthodontic treatment. Am. J. Dent. 2010;23(6):317-23.
10. Ristic M, Vlahovic Svabic M, Sasic M. Clinical and microbiological effects of fixed orthodontic appliances on periodontal tissues in adolescents. Orthod. Craniofac. Res. 2007;10(4):187-95.
11. Filoche S, Wong L, Sissons CH. Oral biofilms: emerging concepts in microbial ecology. J Dent Res. 2010 Jan;89(1):8-18.
12. Nicolas GG, Lavoie MC. Streptococcus mutans and oral streptococci in dental plaque. Can J Microbiol. 2011 Jan;57(1):1-20.
13. Gong Y. Clinical, microbiologic, and immunologic factors of orthodontic treatment-induced gingival enlargement. Am. J. Orthod. Dentofacial Orthop. 2011;140(1):58-64.
14. Van Gastel J, Quirynen M, Teughels W. Longitudinal changes in microbiology and clinical periodontal variables after placement of fixed orthodontic appliances. J. Periodontol. 2008;79(11):2078-86.

ЗМІНИ ОРАЛЬНОГО МІКРОБІОМУ ДІТЕЙ ПРИ ЛІКУВАННІ НЕЗНІМНОЮ ОРТОДОНТИЧНОЮ АПАРАТУРОЮ

Мельник В. С., Горзов Л. Ф., Изай М. Е.

Резюме. У статті представлені дані змін орального мікробіому дітей 12-15 років під час лікування брекет-системами. Вивчені представлені нормальній мікробіоти порожнини рота. В ротовій порожнині домінуючими є роди *Streptococcus*, *Peptostreptococcus*, *Lactobacillus*, *Bifidobacterium*, *Enterococcus*, *Staphylococcus*. У дітей із незнімною ортодонтичною апаратурою в ротовій рідині ідентифікували мікроорганізми, які не властиві нормальному мікробіому ротової порожнини, спостерігали збільшення пародонто-патогенних мікроорганізмів, які належать до родів *Veillonella Neisseria*, *Actinobacillus*, гриби роду *Candida* та родини *Enterobacteriaceae*, які за сприятливих умов можуть спричинювати і посилювати запальний процес в тканинах пародонта.

Ключові слова: оральний мікробіом, ортодонтична апаратура, діти, гінгівіти.

ИЗМЕНЕНИЯ ОРАЛЬНОГО МИКРОБИОМА ДЕТЕЙ ПРИ ЛЕЧЕНИИ НЕСЪЕМНОЙ ОРТОДОНТИЧЕСКОЙ АППАРАТУРОЙ

Мельник В. С., Горзов Л. Ф., Изай М. Э.

Резюме. В статье представлены данные изменений орального микробиома детей 12-15 лет при лечении брекет-системами. Изучены представители нормальной микробиоты полости рта. В ротовой полости доминирующими являются рода *Streptococcus*, *Peptostreptococcus*, *Lactobacillus*, *Bifidobacterium*, *Enterococcus*, *Staphylococcus*. У детей с несъемной ортодонтической аппаратурой в ротовой жидкости идентифицировали микроорганизмы, которые не свойственны нормальному микробиому ротовой полости, наблюдали увеличение пародонта-патогенных микроорганизмов, принадлежащих к родам *Veillonella*, *Neisseria*, *Actinobacillus*, грибы рода *Candida* и семейства *Enterobacteriaceae*, которые при благоприятных условиях могут вызывать и усиливать воспалительный процесс в тканях пародонта.

Ключевые слова: оральный микробиом, ортодонтическая аппаратура, дети, гингивит.

CHANGES OF ORAL MICROBIOME IN CHILDREN WITH FIXED ORTHODONTIC APPLIANCES

Melnyk V. S., Horzov L. F., Izay M. E.

Abstract. The oral microbiome is the most studied in the human body. It counts more than 600 common taxonomies of microorganisms, at species level. Microbiological associations under certain conditions may be representatives of normal microbiome, and when changing these conditions cause the development of pathological process. The main role is not the generic composition, but the violation of the ratio of microorganisms, which is diagnostic. Catarrhal gingivitis is always associated with microorganisms in the oral cavity. This disease is difficult to treat, and the presence of a fixed orthodontic appliances further complicates the implementation of procedures for personal and professional hygiene that aimed at eliminating etiological factors.

The purpose of the study is to investigate easily diagnosed changes in microbial associations that are important for the purpose of identifying early markers and for proper prevention and development of methodological approaches.

The object and methods of research. A total of 62 children 12-15 years of age with fixed orthodontic appliances were examined. From the examined patients, two groups were formed: Group I – 32 children, patients with chronic catarrhal gingivitis, which arose in the process of orthodontic treatment. Among them, 17 girls and 15 boys. Group II – control – 30 practically healthy children of the same age (15 girls and 15 boys). The material of the microbiological study was the washing of the oral cavity. Determination of the species composition of the oral microbial was performed at the beginning of the orthodontic treatment – 3 months, and at the control points – 6 months and 12 months after the fixation of the fixed orthodontic appliances.

The seeding of mouthwashes were performed using chromogenic selective nutrient media for isolation and identification of major groups of known representatives of the oral microbial.

Research results and their discussion. Prior to orthodontic treatment, the setting braces, signs of inflammation of periodontal tissue in these patients was not observed. At the beginning of orthodontic treatment in children with clinical manifestations of inflammatory diseases of periodontal tissues, 32 strains of *Streptococcus spp.* were isolated, 26 of the *Peptostreptococcus spp.*, 10 of the *Enterobacteriaceae* family, and 15 of *Candida* fungi were identified. Representatives of the normal microbiota of the oral cavity, *Lactobacillus spp.*, were isolated in 11 individuals.

At the second stage, orthodontic treatment of bacteria of the genera *Streptococcus* and *Peptostreptococcus* was isolated in 32 patients. The frequency of bacteria *Lactobacillus spp.* increased by 15% and isolated from 16 people, and the bacteria of the *Enterobacteriaceae* family decreased by 19%. In patients, in the second stage of orthodontic treatment, the fungi of the genus *Candida* were determined in 19 subjects in comparison with the first stage.

In the third stage of orthodontic treatment, the rates of microorganisms isolated from oral fluids, in particular *Streptococcus spp.* and *Peptostreptococcus spp.* has not changed. The incidence of bacterial *Enterobacteriaceae* (34.2%) increased by 20%, while the *Candida* genus fungi decreased from 49.3% to 32.3%. Identification frequency of *Lactobacillus spp.* amounted to 52.5%.

Conclusions. *Streptococcus*, *Peptostreptococcus*, *Lactobacillus*, *Bifidobacterium*, *Enterococcus*, *Staphylococcus* are dominant in the oral cavity. In children with fixed orthodontic appliances in the oral liquid identified microorganisms that are not characteristic of the normal microbiome of oral cavity, observed an increase of periodontal pathogenic microorganisms belonging to *Veillonella*, *Neisseria*, *Actinobacillus*, *Candida* and *Enterobacteriaceae*, which, under favorable conditions, may cause and intensify inflammation in periodontal tissues.

Key words: oral microbiome, fixed orthodontic appliances, children, gingivitis.

Рецензент – проф. Каськова Л. Ф.

Стаття надійшла 28.12.2018 року

DOI 10.29254/2077-4214-2019-1-1-148-347-353

УДК 615.463:616.31-08

¹Невинський Ю. О., ²Невинський О. Г.

ДОСЛІДЖЕННЯ В ЕНДОДОНТИЧНІЙ І ТЕРАПЕВТИЧНІЙ СФЕРАХ ЗАСТОСУВАННЯ ІННОВАЦІЙНИХ БІОАКТИВНИХ ЦЕМЕНТІВ

¹ТОВ Стоматологія «Медент» (м. Миколаїв)

²Чорноморський національний університет ім. Петра Могили (м. Миколаїв)

yuriy.nevinskiy27@gmail.com

Зв'язок публікації з плановими науково-дослідними роботами. Представлена робота є фрагментом НДР ЧНУ ім. Петра Могили «Психолого-фізична реабілітація при захворюваннях та травмах опорно-рухового апарату та периферичної нервової системи», № державної реєстрації 0115U000177.

Вступ. За останні десятиліття відбулося багато змін у способі ендодонтичного лікування. Стандартний протокол перетерпів істотні зміни, в першу чергу, завдяки досягненням в області матеріалознавства й інноваційного устаткування, а також через підвищення вимог з боку пацієнтів на збереження їхніх зубів.

Актуальність пошуку найбільш оптимального варіанту використання стоматологічного цементу, який би не викликав післяопераційної чутливості, підтримував процес ремінералізації дентину, ініціював формування твердих тканин (дентинних містків, тяжів, замісного дентину), забезпечував відновлення загальної цілісності пульпи, і таким чином, сприяв тривалому збереженню її вітальності, є очевидною.

Протягом багатьох десятиліть стоматологічні цементі на основі кальцію гідроксиду вважаються традиційними матеріалами, що забезпечують збереження вітальності пульпи [1]. Як було доведено клінічно і гістологічно, позитивний результат досягаєть-