

Мельник Володимир Семенович,
кандидат медичних наук, доцент,
завідувач кафедри дитячої стоматології,
ДВНЗ «Ужгородський національний університет»
ORCID ID: 0000-0001-6256-5355
SCOPUS ID: 57203499543
м. Ужгород, Україна

Халак Роман Олегович,
старший викладач кафедри дитячої стоматології,
ДВНЗ «Ужгородський національний університет»
ORCID ID: 0009-0002-7985-8968
м. Ужгород, Україна

Гриненко Євгенія Михайлівна,
старший викладач кафедри дитячої стоматології,
ДВНЗ «Ужгородський національний університет»,
ORCID ID: 0009-0004-3849-5165
м. Ужгород, Україна

Ізай Мілан Ернестович,
старший викладач кафедри дитячої стоматології,
ДВНЗ «Ужгородський національний університет»
ORCID ID: 0000-0001-5636-9614
м. Ужгород, Україна

Дячук Едіта Йосипівна,
старший викладач кафедри дитячої стоматології,
ДВНЗ «Ужгородський національний університет»,
ORCID ID: 0009-0003-7251-5732
м. Ужгород, Україна

Особливості орального мікробіому на різних етапах ортодонтчного лікування дітей та підлітків

Вступ. У статті представлено аналіз результатів вивчення спектра, частоти та кількості мікроорганізмів у ротовій рідині перед початком ортодонтчного лікування зубощелепних аномалій та деформацій та на його етапах (6 та 12 міс). В результаті дослідження було виявлено появу патогенного мікроорганізму *Staphylococcus aureus* та велику кількість умовно-патогенних грибів роду *Candida* та *Porphomonas* spp. Отримані результати свідчать необхідність розробки стандартів ведення ортодонтчних пацієнтів.

Мета дослідження: оцінка якісного та кількісного складу мікроорганізмів у пацієнтів із зубощелепними аномаліями та деформаціями до встановлення незнімної ортодонтчної апаратури, через 6 та 12 місяців після початку лікування для правильної профілактики та розпрацювання методологічних підходів.

Матеріали та методи. Обстежено 62 дітей 12-15 річного віку з незнімною ортодонтчною апаратурою. Вікова уніфікація контингенту пацієнтів обумовлена, фактом того, що в період постійного прикусу у дітей тканини пародонта мають зрілу диференційовану морфологічну структуру і визначені в них зміни не можуть бути пов'язані з їх формуванням та періодами росту. До постановки ортодонтчної апаратури дані пацієнти мали здорові тканини пародонта. З обстежених пацієнтів сформовано 2 групи:

I група – 32 дітей, пацієнти з хронічним катаральним гінгівітом, що виник в процесі ортодонтчного 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 ортодонтчного 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.

Протягом періоду обстеження пацієнти не приймали антибіотиків, нестероїдних протизапальних та гормональних препаратів. Ротову рідину збирали в стерильну пробірку у кількості 1-2 мл. За 2 години до збору матеріалу пацієнти не приймали їжу, не чистили зуби та не обробляли порожнину рота антисептичними засобами. Матеріал доставляли до лабораторії науково-дослідницького і навчального Центру молекулярної мікробіології та імунології слизових оболонок ДВНЗ «Ужгородський національний університет» протягом 1 год.

Результати. 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. До проведення ортодонтчного лікування, тобто до постановки брекет-системи, ознак запалення тканин пародонту у даних пацієнтів не спостерігали. На початку ортодонтчного 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*.

На другому етапі ортодонтичного 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%, гриби роду *Candida* визначали у 19 осіб у порівнянні з першим етапом.

На третьому етапі ортодонтичного 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. складала 52,5%.

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

Висновки. За даними обстеження у ротовій порожнині домінуючими є роди *Streptococcus*, *Peptostreptococcus*, *Lactobacillus*, *Bifidobacterium*, *Enterococcus*, *Staphylococcus*. У дітей із незмінною 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, мікробіоценоз, ротова рідина, гінгівіти. ортодонтичне лікування. діти, підлітки.

Melnyk Volodymyr Semenovich, PhD, Associate Professor, Head of the Department of Children's Dentistry, Uzhhorod National University, ORCID ID: 0000-0001-6256-5355, Uzhhorod, Ukraine

Halak Roman Olehovych, Senior Lecturer at the Department of Pediatric Dentistry, Uzhhorod National University, ORCID ID: 0009-0002-7985-8968, Uzhhorod, Ukraine

Hrynenko Yevheniia Mykhailivna, Senior Lecturer at the Department of Pediatric Dentistry, Uzhhorod National University, ORCID ID: 0009-0004-3849-5165, Uzhhorod, Ukraine

Izai Milan Ernestovych, Senior Lecturer at the Department of Pediatric Dentistry, Uzhhorod National University, ORCID ID: 0000-0001-5636-9614, Uzhhorod, Ukraine

Dyachuk Edita Yosypivna, Senior Lecturer at the Department of Pediatric Dentistry, Uzhhorod National University, ORCID ID: 0009-0003-7251-5732, Uzhhorod, Ukraine

Features of the oral microbiome at different stages of orthodontic treatment of children and adolescents

Introduction. The article presents the analysis of the results of the study of the spectrum, frequency and number of microorganisms in the oral fluid before the beginning of orthodontic treatment of dento-jaw anomalies and deformations and at its stages (6 and 12 months). As a result of the study, the emergence of the pathogenic microorganism *Staphylococcus aureus* and a large number of opportunistic fungi of the genus *Candida* and *Porphyromonas* spp. The obtained results indicate the need to develop standards for the management of orthodontic patients.

The purpose of the study: assessment of the qualitative and quantitative composition of microorganisms in patients with dento-jaw anomalies and deformations before the installation of fixed orthodontic equipment, 6 and 12 months after the start of treatment for proper prevention and development of methodological approaches.

Materials and methods. 62 children aged 12-15 with fixed orthodontic appliances were examined. The age unification of the contingent of patients is due to the fact that during the period of permanent bite in children, the periodontal tissues have a mature differentiated morphological structure and the changes determined in them cannot be related to their formation and periods of growth. These patients had healthy periodontal tissues before the placement of orthodontic equipment. 2 groups were formed from the examined patients:

Group I – 32 children, patients with chronic catarrhal gingivitis that occurred during orthodontic treatment. Among them, according to gender, 17 are girls and 15 are boys; II group – control – 30 practically healthy children of the same age (15 girls and 15 boys).

The material of the microbiological study was the washings of the oral cavity. Determination of the species composition of the oral microbiome was carried out at the beginning of orthodontic treatment – 3 months, and at control points – 6 months and 12 months after fixation of the bracket system. Patients with chronic catarrhal gingivitis were not treated during the entire study period.

During the examination period, the patients did not take antibiotics, nonsteroidal anti-inflammatory drugs, or hormonal drugs. Oral fluid was collected in a sterile test tube in the amount of 1-2 ml. 2 hours before the collection of the material, the patients did not eat, did not brush their teeth, and did not treat the oral cavity with antiseptic agents. The material was delivered to the laboratory of the Research and Educational Center for Molecular Microbiology and Immunology of Mucous Membranes of the Uzhgorod National University of Higher Secondary School within 1 hour.

The results. The study of the microbial composition of oral cavity washes of patients with clinical signs of inflammatory periodontal tissue diseases against the background of using a brace system allowed us to establish characteristic qualitative and quantitative changes in the oral microbiome. Before the orthodontic treatment, that is, before the placement of the brace system, no signs of periodontal tissue inflammation were observed in these patients. At the beginning of orthodontic treatment in children with clinical manifestations of inflammatory diseases of periodontal tissues, *Streptococcus* spp. microorganisms were isolated in 32 patients, *Peptostreptococcus* spp. in 26 patients, *Enterobacteriaceae* in 10 people, and *Candida* fungi were identified in 15 children.

At the second stage of orthodontic treatment, bacteria of the genera *Streptococcus* and *Peptostreptococcus* were isolated in 32 patients. Frequency of bacteria *Lactobacillus* spp. increased by 15% and was isolated in 16 people, and bacteria of the *Enterobacteriaceae* family decreased by 19%, fungi of the genus *Candida* were determined in 19 people compared to the first stage.

At the third stage of orthodontic treatment, indicators of microorganisms isolated from oral fluid washes, in particular *Streptococcus* spp. and *Peptostreptococcus* spp. has not changed. The frequency of detection of *Enterobacteriaceae* bacteria (34.2%) increased by 20%, and *Candida* fungi decreased from 49.3 to 32.3%, the frequency of identification of *Lactobacillus* spp. was 52.5%.

The results of microbiological research in children at different stages of orthodontic treatment showed an increase in the number of bacteria, which under favorable conditions can threaten not only inflammation of periodontal tissues, but also their further destruction.

Conclusions. According to examination data, the genera *Streptococcus*, *Peptostreptococcus*, *Lactobacillus*, *Bifidobacterium*, *Enterococcus*, and *Staphylococcus* are dominant in the oral cavity. In children with fixed orthodontic appliances, microorganisms that are not characteristic of the normal microbiome of the oral cavity were identified in the oral fluid, an increase in periodontal pathogenic microorganisms belonging to the genera *Veillonella* *Neisseria*, *Actinobacillus*, fungi of the genus *Candida* and the family *Enterobacteriaceae*, which under favorable conditions can cause and increase the inflammatory process in periodontal tissues.

Key words: oral microbiome, microbiocenosis, oral fluid, gingivitis, orthodontic treatment, children, teenagers.

Вступ. На сьогодні численні дослідження свідчать про високу поширеність серед населення зубощелепних аномалій та деформацій, причому останні 30–40 років спостерігається тенденція до зростання їх частоти у дітей [1]. Поширеність зубощелепних аномалій та деформацій серед дитячого населення, за даними вітчизняних авторів, у різних регіонах коливається від 31,9 до 86,1% [2]. У дітей та підлітків 12 років і старше основним методом лікування є використання незнімної ортодонтичної апаратури [3, 4]. Цей метод поряд з позитивними характеристиками має і негативні, що призводять до виникнення стоматологічних захворювань або тяжіння наявних. Ортодонтичні апарати здатні порушити гігієнічний статус, змінити співвідношення мікрофлори, що формує мікробіоту [5, 6], стати джерелом акумуляції зубних відкладень з появою нових нетипових областей ретенції нальоту, сприяти розвитку запальних процесів у ротовій порожнині [7,8]. Найважливішим біотопом порожнини рота є ротова рідина, за станом якої можна будувати висновки про стан всієї мікробіоти [9, 10]. Наявність у порожнині рота апаратури може сприяти збільшенню в'язкості слюни, зниженню швидкості її відділення та зміні буферних властивостей [6].

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 філотипи. Мікроорганізми ротової порожнини здатні колонізувати тверді поверхні зубів і м'які тканини слизової оболонки, створюючи специфічні індивідуальні асоціації [10].

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 [7].

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 них ми розуміємо, що не окремі мікроорганізми, а їхні асоціації функціонально призводять до патологічних змін ротової порожнини [9].

Незважаючи на сьогоднішню популярність незнімної ортодонтичної апаратури і значне підвищення її ефективності, питома вага різних ускладнень, включаючи зміни тканин пародонта, досить висока – від 32,7

до 50% Частка хронічного катарального гінгівіту складає 38% [11]. 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 [12].

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.

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.

Дане дослідження є актуальним, оскільки, виходячи з його результатів, можна запобігти розвитку ускладнень під час ортодонтичного лікування.

Мета дослідження – оцінка якісного та кількісного складу мікроорганізмів у пацієнтів із зубощелепними аномаліями та деформаціями до встановлення незнімної ортодонтичної апаратури, через 6 та 12 місяців після початку лікування для правильної профілактики та розпрацювання методологічних підходів.

Об'єкт і методи дослідження. Проведено комплексне стоматологічне обстеження 62 дітей (30 – дівчаток, 32 – хлопчиків) 12-15 річного віку з незнімною ортодонтичною апаратурою на базі університетської стоматологічної поліклініки Ужгородського національного університету. Вікова уніфікація контингенту пацієнтів обумовлена, фактом того, що в період постійного прикусу у дітей тканини пародонта 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 пародонта.

З обстежених пацієнтів сформовано 2 групи:

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

ІІ 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.

Протягом періоду обстеження пацієнти не приймали антибіотиків, нестероїдних протизапальних та гормональних препаратів. Ротову рідину збирали в стерильну пробірку у кількості 1-2 мл. За 2 години до збору матеріалу пацієнти не приймали їжу, не чистили зуби та не обробляли порожнину рота антисептичними засобами. Матеріал доставляли до лабораторії науково-дослідницького і навчального Центру молекулярної мікробіології та імунології слизових оболонок ДВНЗ “Ужгородський національний університет” протягом 1 год.

Статистична обробка даних виконувалася на персональному комп'ютері за допомогою ліцензованого програмного забезпечення для операційної системи Windows та стандартного програмного пакету Statsoft. Inc STATISTICA 6.0 2300 East 14th Street Tulsa, OK 74104 США. Достовірність результатів проаналізовано за t-критерієм Стьюдента [13].

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

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

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.

Таблиця 1

Характеристика середніх значень титрів мікроорганізмів на етапах 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
на першому етапі ортодонтичного лікування				
<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>Veilonella 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
на другому етапі ортодонтичного лікування				
<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>Veilonella 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
на третьому етапі ортодонтичного лікування				
<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>Veilonella 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).

Узагальнені середньостатистичні результати стосовно оцінки родового складу мікробіоценозу на першому етапі ортодонтичного лікування дозволили встановити високі показники кількісного співвідношення мікроорганізмів в змивах ротової порожнини групи 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.

До початку ортодонтичного лікування в ротовій рідині дітей та підлітків з різними видами зубощелепних аномалій та деформацій, у 100% випадків визначалися мікроорганізми *Streptococcus*, *Peptostreptococcus*, *Staphylococcus* (патогенні види виявлені не були), у 34% – бактерії сімейства *Enterobacteriaceae*. Кількість домінуючих видів мікроорганізмів у дітей з хронічним катаральним гінгівітом відповідала високим цифрам: *Peptostreptococcus spp.* – 4,16 lg КУО/мл, *Streptococcus spp.* – 8,07 lg КУО/мл, *Staphylococcus spp.* – 4,76 lg КУО/мл, а в дітей без запальних захворювань пародонта, відповідно 1,23 lg КУО/мл, 3,29 lg КУО/мл, 1,11 lg КУО/мл. Найменш поширені бактерії мали також високі кількісні показники: *Veillonella spp.* та *Peptococcus spp.* – відповідно 7 і 7,2 lg КУО/мл, *Lactobacillus spp.* – 6 lg КУО/мл, *Enterobacteriaceae spp.* – 3,8 lg КУО/мл.

Через 6 місяців дослідження домінуючі види мікроорганізмів у ротовій рідині (табл. 1) були представлені бактеріями роду *Peptostreptococcus* у 100% випадків, що відповідає показникам до початку лікування. Частота бактерій *Streptococcus* зменшилася, склавши 72%, а *Lactobacillus* збільшилася до 72%. Через півроку від початку лікування з'явився *S. aureus* (58% пацієнтів).

Поширеність умовно-патогенних мікроорганізмів (УПМ) сімейства *Enterobacteriaceae* та роду *Peptococcus* коливалася від 29 до 44%, що можна порівняти з показниками до початку лікування. З'явилися раніше гриби роду *Candida* (43%), а також *Bacillus spp.* (29%), *Enterobacter sakazakii* (15%) та *Porphyromonas spp.* (15%). Бактерій роду *Veillonella* виявлено не було. Частота *Staphylococcus spp.* зменшилась до 15%.

Виявлялася велика кількість мікроорганізмів *Porphyromonas* і *Peptostreptococcus* (відповідно 7,2 і 7,4 lg КУО/мл), а також *Streptococcus spp.*, *Staphylococcus spp.* та *Peptococcus spp.* (6-6,9 lg КУО/мл).

У меншій кількості ($\leq 4,8$ lg КУО/мл) висівалися бактерії *S. aureus*, *Enterobacter sakazakii* та *Lactobacillus spp.*, бактерії сімейства *Enterobacteriaceae* та гриби роду *Candida*.

Через 12 місяців від початку лікування *Streptococcus spp.* та *Peptostreptococcus spp.* склала 100%, що відповідає показникам до початку установки незмінної ортодонтичної апаратури. Поширеність бактерій роду *Lactobacillus* зросла, склавши 84%. Частота бактерій *Peptococcus spp.* (34%) та *Porphyromonas spp.* (17%) залишилася практично незмінною. Поширеність інших

мікроорганізмів мала тенденцію до зниження: частота бактерій *Staphylococcus spp.* зменшилася до 67%, *S. aureus* – до 34%, *Veillonella spp.* – до 17%, бактерій сімейства *Enterobacteriaceae* – до 17% та грибів роду *Candida* – до 34%.

Кількість домінуючих мікроорганізмів *Streptococcus spp.* і *Peptostreptococcus spp.*, які до установки брекет-системи зустрічалися в кількості від 6,9 до 7,6 lg КУО/мл, через 12 міс. знизилася до 6,3 і 6,7 lg КУО/мл, а *Staphylococcus spp.* і гриби роду *Candida* – збільшилося на 1 порядок, склавши до кінця лікування приблизно 5 lg КУО/мл. Кількість таких бактерій, як *Lactobacillus spp.*, *Peptococcus spp.*, *Veillonella spp.*, *Porphyromonas spp.* та *Enterobacteriaceae spp.* зменшилося на 1-1,5 порядку; концентрація їх коливалася від 5 і 6,5 lg КУО/мл. Кількість патогенного *S. aureus* до кінця лікування знизилася з 3,5 до 3 lg КУО/мл.

Таким чином, встановлено, що за рік лікування зубощелепних аномалій та деформацій незмінною ортодонтичною апаратурою відбувається зміна мікробного пейзажу ротової рідини у бік збільшення кількості УПМ, а також появи патогенних мікроорганізмів, що означає формування дисбіозу у порожнині рота.

Згідно з результатами дослідження, протягом 6 місяців ортодонтичного лікування з'явився, з одного боку, *S. aureus*, поширеність якого досягла 58%, а кількість – 3,5 lg КУО/мл, а з іншого – збільшилася частота (72%) і кількість (4,5 КУО/мл) представника нормофлори в ротовій рідині, *Lactobacillus spp.* З УПМ найпоширенішими (100%) та численними виявилися бактерії *Peptostreptococcus* та *Streptococcus*. Частота інших мікроорганізмів не перевищувала 50%. У пацієнтів, на другому етапі ортодонтичного лікування, гриби роду *Candida* визначали у 19 осіб у порівнянні з першим етапом.

До кінця року лікування за допомогою ортодонтичної апаратури завдяки компенсаторним можливостям організму дітей та підлітків у віці 12-18 років відбувається повільне відновлення якісного та кількісного складу мікрофлори ротової рідини, як основного показника мікробіоценозу ротової порожнини рота. Збільшилася поширеність (84%) і кількість (5,5 lg КУО/мл) бактерій роду *Lactobacillus*, значно скоротилася частота *S. aureus* і грибів роду *Candida* (до 34%). Поширеність та кількість представників УПМ мала тенденцію до зменшення.

У 32% дітей та підлітків через 3 міс після встановлення апаратури було виявлено гарну гігієну порожнини рота, у 9% – незадовільну, через 6 місяців показники склали відповідно 14 та 27%; через 12 місяців у 25% дітей виявлено гарну гігієну порожнини рота і у 16% – задовільна.

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 біоплівки. 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 ортодонтичного 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 Wade WG. [10]. За даними Gomez A, Nelson KE. клінічні дослідження, що оцінюють структуру співвідношення повинні бути в поєднанні з біологічно відповідними моделями, що дозволяють оцінити екологічні детермінанти мікроорганізмів [7].

Прогрес в області молекулярних методів діагностики призвів до значного вивчення різноманітності людського мікробіому та ступінь його взаємодії з людським організмом. Розвиток зубної біляшки більше не можна розглядати як загальний процес, оскільки це високо індивідуалізований процес, який має наслідки для лікування захворювань [5]. 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 [8]. Як стверджують Zhang Y, Wang X, Li H,

Ni C, Du Z, Yan F., пародонтопатогени мають зв'язок з початком та розвитком ортодонтично-індукованих запальних процесів у яснах, що корелює з результатами нашого дослідження [6].

Thomas C, Minty M. [та ін.] в своїх дослідженнях показали, що встановлення незнімних ортодонтичних апаратів впливає як на мікробні так і на клінічні параметри пародонта, які частково нормалізуються лише через 3 місяці після їх зняття [9].

Отримані дані свідчать про необхідність поглибленого вивчення мікробіоценозу різних біотопів порожнини рота на етапах ортодонтичного лікування та розробки стандартів ведення ортодонтичних пацієнтів, які передбачають профілактичні заходи, що запобігають розвитку дисбіозу порожнини рота.

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.

REFERENCES

1. Zaiats OR, Ozhohan ZR. Poshyrenist zuboshchelepnykh anomalii u ditei Ivano-Frankivskoi oblasti. Suchasna stomatolohiia. 2020;1:68-72. [in Ukrainian].
2. Doroshenko SI, Savonik SM. Poshyrenist zuboshchelepnykh anomalii u ditei vikom 4–17-ty rokiv. Suchasna stomatolohiia. 2020;5:70-73. [in Ukrainian].
3. Smoliar NI, Lesitskyi MU. Poshyrenist anomalii zubnykh riadiv u ditei 6–16 rokiv. Klinichna stomatolohiia. 2021;2:63-70 [in Ukrainian].
4. Melnyk VS, Horzov LF, Izai ME. Zminy oralnoho mikrobiomu ditei pry likuvanni neznimnoiu ortodontychnoiu aparaturou – Visnyk problem biolohii i medytsyny. 2019;1,343-347 [in Ukrainian].
5. Li X, Liu Y, Yang X, Li C, Song Z. The Oral Microbiota: Community Composition, Influencing Factors, Pathogenesis, and Interventions. Front Microbiol. 2022 Apr 29;13:895537. doi: 10.3389/fmicb.2022.895537. PMID: 35572634; PMCID: PMC9100676.
6. Zhang Y, Wang X, Li H, Ni C, Du Z, Yan F. Human oral microbiota and its modulation for oral health. Biomed Pharmacother. 2018 Mar;99:883-893. doi: 10.1016/j.biopha.2018.01.146. Epub 2018 Feb 20. PMID: 29710488.
7. Gomez A, Nelson KE. The Oral Microbiome of Children: Development, Disease, and Implications Beyond Oral Health. Microb Ecol. 2017 Feb;73(2):492-503. doi: 10.1007/s00248-016-0854-1. Epub 2016 Sep 14. PMID: 27628595; PMCID: PMC5274568.
8. Verma D, Garg PK, Dubey AK. Insights into the human oral microbiome. Arch Microbiol. 2018 May;200(4):525-540. doi: 10.1007/s00203-018-1505-3. Epub 2018 Mar 23. PMID: 29572583.
9. Thomas C, Minty M, Vinel A, Canceill T, Loubières P, Burcelin R, Kaddech M, Blasco-Baque V, Laurencin-Dalieux S. Oral Microbiota: A Major Player in the Diagnosis of Systemic Diseases. Diagnostics (Basel). 2021 Jul 30;11(8):1376. doi: 10.3390/diagnostics11081376. PMID: 34441309; PMCID: PMC8391932.
10. Wade WG. The oral microbiome in health and disease. Pharmacol Res. 2013 Mar;69(1):137-43. doi: 10.1016/j.phrs.2012.11.006. Epub 2012 Nov 28. PMID: 23201354.
11. Smahliuk LV, Kulish NV, Nesterenko OM. Mizhdystyplinarnyi pidkhid u likuvanni patsiiientiv iz zuboshchelepnyimi anomaliiamy. Ukrainskyi stomatolohichniy almanakh. 2022;2:28-33. DOI <https://doi.org/10.31718/2409-0255.2.2022.05> [in Ukrainian].
12. Krymovskiy KH. Obhruntuvannia diahnozychnykh zakhodiv u kompleksnomu pidkhodi dlia vyznachennia taktyky ortodontychnoho likuvannia patsiiientiv zi skupchenistiu zubiv u rannii zminnyi period prykusu. Suchasna stomatolohiia. 2021;3:82-86 [in Ukrainian].
13. Hruzieva TS, redaktor. Biostatystyka [Biostatistics]. Vinnytsia: Nova knyha; 2020;384 p. [in Ukrainian].