

КОЛИЧЕСТВЕННЫЙ АНАЛИЗ МИКРОБИОТЫ ПАРОДОНТАЛЬНЫХ КАРМАНОВ У БОЛЬНЫХ ПОСЛЕ НОВОЙ КОРОНАВИРУСНОЙ ИНФЕКЦИИ

Николаева Д.А.¹, Мавзютов А.Р.¹, Азнагулов А.А.², Гимранова И.А.¹, Терегулова Г.Р.³,
Филяева К.Ю.¹, Ахметова Г.Р.¹

¹Башкирский государственный медицинский университет; ²Стоматологическая поликлиника №2, Уфа, Россия; ³Клиника Башкирского государственного медицинского университета

QUANTITATIVE ANALYSIS OF THE MICROBIOTA OF PERIODONTAL POCKETS IN PATIENTS WHO HAVE RECOVERED FROM THE NEW CORONAVIRUS INFECTION

Nikolaeva D.A.¹, Mavzutov A.R.¹, Aznagulov A.A.², Gimranova I.A.¹, Teregulova G.R.³,
Filyaeva K.Y.¹, Akhmetova G.R.¹

¹Bashkir State Medical University; ²Bashkir State Medical University Clinic; ³Dental clinic №2, Ufa, Russia

Цель исследования: провести количественный анализ микробиоты пародонтальных карманов у больных пародонтитом после перенесенной новой коронавирусной инфекции.

Материалы и методы. Всего обследовано 28 пациентов с проявлениями пародонтита, которые были разделены на 2 группы: I группа – 17 больных, которые перенесли новую коронавирусную инфекцию; II группа – 11 человек, не имевших в анамнезе проявлений COVID-19. Методом полимеразной цепной реакции (ПЦР) в режиме реального времени оценивали содержимое пародонтальных карманов у обследуемых пациентов с целью обнаружения ДНК пародонтопатогенов: *Aggregatibacter actinomycetemcomitans*, *Porphyromonas gingivalis*, *Porphyromonas endodontalis*, *Treponema denticola*, *Tannerella forsythia* и *Prevotella intermedia* с использованием набора ООО НПФ «Литех».

Результаты и обсуждение. По результатам ПЦР-анализа у больных I группы обнаружена ДНК шести исследуемых пародонтопатогенов: *P. gingivalis* – в 32% случаев, *P. endodontalis* – в 38%, *T. denticola* – в 11%, *A. actinomycetemcomitans* – в 6%, *T. forsythia* – в 8%, *F. nucleatum* – в 5%. Во II группе выявлены: *P. endodontalis* – в 64% случаев, *T. denticola* – в 27%, *T. forsythia* – в 9%. Пародонтопатогены *P. endodontalis*, *T. denticola*, *T. forsythia* были обнаружены в двух группах обследуемых, но в группе пациентов, перенесших COVID-19, наблюдали сравнительно высокое количество выявленной ДНК: *P. endodontalis* ($M_e=9,64E+0,6$ ГЭ/мл), *T. denticola* ($M_e=6,4E+0,5$ ГЭ/мл), *T. forsythia* ($M_e=1,83E+0,6$ ГЭ/мл). Отметим, что ДНК пародонтопатогенов, обладающих наивысшей патогенностью, – *P. gingivalis* и *A. actinomycetemcomitans* были детектированы только в I группе больных в среднем количестве $4,26E+0,6$ ГЭ/мл и $3,2E+0,4$ ГЭ/мл соответственно.

Заключение. Полученные данные указывают на индивидуальные особенности оральной микробиоты у больных пародонтитом, имеющих в анамнезе COVID-19, свидетельствующие о негативных тенденциях здоровья полости рта, что обосновывает необходимость проведения своевременной микробиологической диагностики для выбора правильного алгоритма лечения.