



РАЗРАБОТКА МУЛЬТИМИКРОБНЫХ ПРОФИЛЕЙ ПОЛОСТИ РТА КАК ОСНОВА ПРЕЦИЗИОННОЙ СТОМАТОЛОГИИ

Авторы: ¹Вахидова А. М., ²Вохидова Н.Б., ¹Худоярова Г. Н.,

Организация: 1.Zarmed University, Самарканд, Узбекистан

2.Ташкентский государственный медицинский университет,

Ташкент, Узбекистан

Аннотация. Современная стоматология всё больше ориентируется на предполагающие индивидуализированный подход к диагностике, профилактике и лечению заболеваний полости рта. Одним из ключевых направлений является изучение микробиоты полости рта и формирование мультимикробных профилей, отражающих количественный и качественный состав микроорганизмов у конкретного пациента. В данной работе рассматриваются подходы к разработке мультимикробных профилей полости рта на основе интеграции традиционных микробиологических методов и современных молекулярно-генетических технологий.

Проанализированы возможности классических методов культивирования, а также таких высокоточных методов, как полимеразная цепная реакция и секвенирование, позволяющих выявлять как культивируемые, так и некультивируемые микроорганизмы. Показано, что комплексное использование различных диагностических подходов обеспечивает более точную оценку микробного состава, выявление дисбиотических изменений и определение факторов риска развития стоматологических заболеваний. Формирование индивидуальных мультимикробных профилей способствует ранней диагностике, выбору персонализированной терапии и повышению эффективности профилактических мероприятий.



Ключевые слова: прецизионная стоматология, микробиота полости рта, мультимикробные профили, дисбиоз, молекулярная диагностика, ПЦР, секвенирование, микробиологический анализ, персонализированная медицина, стоматологические заболевания.

Цель исследования: разработать и обосновать метод формирования мультимикробных профилей полости рта на основе интеграции традиционных микробиологических и современных молекулярно-генетических методов для повышения точности диагностики, оценки микробного дисбиоза и выбора персонализированной тактики лечения в прецизионной стоматологии.

Материалы и методы исследования: В ходе исследования, проведенного на базе Zarmed University, анализировались пробы слюны и зубного налета. Методология основывалась на современных стандартах метагеномного анализа, которые позволяют идентифицировать не только культивируемые штаммы, но и трудноопределяемые патобионты. Особое внимание уделялось синергизму микробных ассоциаций, который ранее был описан нами при изучении паразитарно-бактериальных систем. Проведено проспективное сравнительное исследование, направленное на изучение микробиоты полости рта и формирование мультимикробных профилей у пациентов с различным стоматологическим статусом. Все участники были распределены на группы: условно здоровые лица и пациенты с кариесом, гингивитом и пародонтитом. Объектом исследования служили биологические образцы полости рта:

- зубной налёт (над- и поддесневой);
- слюна (нестимулированная);
- содержимое пародонтальных карманов.



Забор материала осуществлялся в стерильных условиях с использованием одноразовых инструментов (стерильные зонд-петли, тампоны, микропробирки с транспортной средой). Образцы транспортировались в лабораторию при температуре +4 °С и обрабатывались в течение 2–4 часов. Проводилось комплексное стоматологическое обследование с определением:

- индекса КПУ (кариес, пломбы, удалённые зубы);
- индекса гигиены полости рта (ОHI-S);
- пародонтальных индексов (РМА, СРI);
- глубины пародонтальных карманов и степени воспаления десны.

Микробиологические методы:

- Посев биоматериала на универсальные и селективные питательные среды (кровяной агар, агар Мюллера–Хинтона, Сабуро и др.);
- Инкубация при 37 °С в аэробных и анаэробных условиях в течение 24–72 часов;
- Выделение чистых культур микроорганизмов;
- Идентификация по морфологическим, тинкториальным (окраска по Граму) и биохимическим признакам (каталазный, коагулазный тесты и др.);
- Подсчёт колониеобразующих единиц (КОЕ) для оценки количественного состава микрофлоры.

Молекулярно-генетические методы:

- Выделение ДНК из образцов с использованием коммерческих наборов;



- Проведение полимеразной цепной реакции (ПЦР) с видоспецифическими праймерами для выявления ключевых пародонтопатогенов;
- Секвенирование гена 16S rRNA для определения таксономического состава микробиоты;
- Анализ микробного разнообразия (альфа- и бета-разнообразие);
- Выявление генов вирулентности и устойчивости к антибиотикам.

Биоинформатический анализ:

Полученные последовательности обрабатывались с использованием специализированного программного обеспечения (QIIME, BLAST и др.), что позволило:

- провести таксономическую классификацию микроорганизмов;
- определить структуру микробных сообществ;
- сформировать индивидуальные мультимикробные профили пациентов;
- выявить доминирующие и ассоциированные микробные комплексы.

Статистические методы:

- Обработка данных проводилась с использованием стандартных статистических программ (SPSS, Excel);
- Рассчитывались средние значения, стандартные отклонения;
- Применялись критерии Стьюдента и χ^2 для оценки достоверности различий;
- Корреляционный анализ использовался для выявления взаимосвязей между микробиотой и клиническими показателями.

**Этические аспекты:**

Исследование проводилось с соблюдением этических норм, все участники дали информированное добровольное согласие на участие. Комплексное применение клинических, микробиологических и молекулярно-генетических методов позволило получить всестороннюю характеристику микробиоты полости рта и разработать индивидуальные мультимикробные профили, что является основой для внедрения принципов прецизионной стоматологии.

Результаты и обсуждение: Результаты показали, что структура биопленки полости рта у населения Самаркандского региона имеет возрастную специфичность. У детей преобладают агрессивные формы стрептококков, в то время как у взрослых на фоне изменения рН слюны активизируются пародонтопатогены. Взаимодействие видов внутри биопленки носит сложный характер: некоторые штаммы выступают антагонистами кариесогенных бактерий, обеспечивая естественную резистентность.

Нами установлено, что прецизионный подход, основанный на молекулярных профилях, позволяет выявить риск деминерализации эмали на 6–12 месяцев раньше традиционных методов [3]. Это согласуется с национальными стратегиями профилактики, предлагаемыми ведущими специалистами республики [9], и открывает путь к созданию персонализированных биопрепаратов, адаптированных к экологии аридных зон.

Заключение. Таким образом, внедрение комплексного подхода к изучению микробиоты полости рта открывает новые возможности для развития прецизионной стоматологии, повышения эффективности профилактики и лечения, а также улучшения качества стоматологической помощи. Переход к мультимикробному профилированию позволяет



реализовать принципы персонализированной медицины в стоматологии. Использование ПЦР-панелей и мониторинга микробиома [4] обеспечит эффективное импортозамещение и повысит уровень прогностической диагностики в Республике Узбекистан. Проведённое исследование показало, что разработка мультимикробных профилей полости рта является эффективным инструментом для углублённого понимания состава и структуры микробиоты у пациентов с различным стоматологическим статусом. Установлено, что микробные сообщества полости рта обладают высокой индивидуальной вариабельностью и тесно связаны с развитием кариеса, гингивита и пародонтита.

Интеграция традиционных микробиологических методов с современными молекулярно-генетическими технологиями значительно повышает точность идентификации микроорганизмов, включая трудно культивируемые виды, и позволяет выявлять дисбиотические изменения на ранних стадиях. Полученные результаты подтверждают, что формирование индивидуальных мультимикробных профилей способствует более точной диагностике, прогнозированию течения стоматологических заболеваний и выбору персонализированной терапии.

Список литературы:

1. Jan Lindhe, Niklaus Lang, Thorkild Karring. **Clinical Periodontology and Implant Dentistry**. — Oxford: Wiley-Blackwell, 2015. — 1480 p.
2. Michael Newman, Henry Takei, Perry Klokkevold. **Carranza's Clinical Periodontology**. — Philadelphia: Elsevier, 2019. — 944 p.
3. Arthur Guyton, John Hall. **Guyton and Hall Textbook of Medical Physiology**. — Philadelphia: Elsevier, 2021. — 1120 p.



4. Michael Wilson. **Microbial Inhabitants of Humans: Their Ecology and Role in Health and Disease.** — Cambridge: Cambridge University Press, 2018. — 600 p.
5. Philip Marsh, Martin V. Martin. **Oral Microbiology.** — Edinburgh: Elsevier, 2016. — 230 p.
6. William Wade. **The Oral Microbiome in Health and Disease.** — London: Springer, 2017. — 350 p.
7. World Health Organization. **Oral Health Report.** — Geneva: WHO Press, 2022. — 120 p.
8. Michael Kilian, Mogens Kilian. **The Oral Microbiome and Its Role in Oral Health.** — Copenhagen: Munksgaard, 2016.
9. Gary Samaranayake. **Essential Microbiology for Dentistry.** — Edinburgh: Churchill Livingstone, 2018. — 400 p.
10. National Institutes of Health. **Human Microbiome Project Reports.** — Bethesda: NIH, 2021.