

УДК 616.24-008.8.078

DOI: 10.14427/jipai.2023.1.81

Видовое разнообразие стрептококков при заболеваниях пародонта

И.В. Бажутова, Д.Д. Исматуллин, А.В. Лямин, Д.А. Трунин

Самарский государственный медицинский университет Минздрава России, Самара

Species diversity of *Streptococcus* in periodontal diseases

I.V. Bazhutova, D.D. Ismatullin, A.V. Lyamin, D.A. Trunin

Federal State Budgetary Educational Institution of Higher Education «Samara State Medical University» of the Ministry of Healthcare of the Russian Federation, Samara

Аннотация

Практически каждый пациент, который обращается за помощью в медицинские учреждения, сталкивается с заболеваниями зубочелюстной системы. Именно по этой причине этой проблеме уделяется серьёзное внимание со стороны врачей-стоматологов различной специализации. К одной из наиболее значимых причин воспалительных заболеваний тканей пародонта в современной модели развития пародонтита относится микробиота полости рта. Тонкая количественная и качественная грань между нормальной орофарингеальной флорой и пародонтопатогенами во многом определяет дальнейшую картину развития патологического процесса. Появление в современной микробиологии метода MALDI-ToF масс-спектрометрии существенно повысило значение и необходимость выделения микроорганизмов на питательных средах за счёт довольно низкой стоимости исследования одного образца. В связи с этим целью нашего исследования было проведение микробиологической диагностики и анализа микробного разнообразия пародонтальных карманов пациентов с хроническим пародонтитом для определения доминирующих групп различных пародонтопатогенов.

Ключевые слова

Масс-спектрометрия, пародонтит, пародонтопатогены, стрептококки.

Введение

На протяжении всей жизни практически каждый пациент, который обращается за помощью в медицинские учреждения сталкивается с заболеваниями зубочелюстной системы, как одной из наиболее часто подверженных нозологиям систем макроорганизма. Если в детском возрасте пациенты сталкиваются с развитием кариеса,

Summary

Almost every patient who seeks help from medical institutions is faced with diseases of the dentoalveolar system. It is for this reason that this problem draws the attention of dentists of various specializations.

Microbial biodiversity makes a significant contribution to the development of inflammatory diseases of periodontal tissues from the side of the modern model of periodontitis development. The fine quantitative and qualitative line between the normal oropharyngeal flora and periodontal pathogens largely determines the further pattern of the pathological process development.

The emergence of MALDI-ToF mass spectrometry in modern microbiology has significantly increased the importance and necessity of isolating microorganisms on nutrient media, due to the rather low cost of studying one sample.

In this regard, the purpose of our study was to conduct microbiological diagnostics and analysis of the microbial diversity of periodontal pockets in patients with chronic periodontitis to determine the dominant groups of various periodontopathogens.

Keywords

Mass spectrometry, periodontitis, periodontal pathogens, *Streptococcus*.

то с годами дополнительно увеличивается доля заболеваний, связанных с воспалительными процессами слизистой оболочки полости рта. Отдельной значимой проблемой является стабильно высокие показатели частоты встречаемости различных нозологий тканей пародонта. И если ранее данная группа заболеваний встречалась в первую очередь у лиц от 40 лет и старше, то в

настоящее время эта патология встречается и в более раннем возрасте [1]. Именно по этой причине этой проблеме уделяется большое внимание со стороны врачей-стоматологов различной специализации.

В развитии воспалительных заболеваний тканей пародонта со стороны современной модели формирования пародонтита значительный вклад вносит микробное биоразнообразие. Среди широкого спектра микроорганизмов (МО), населяющих пространство пародонтального кармана, ключевое место занимают пародонтопатогены, которые в зависимости от степени патогенности и воздействия на ткани делятся на различные комплексы. Тонкая количественная и качественная грань между нормальной орофарингеальной флорой и пародонтопатогенами во многом определяет дальнейшую картину развития патологического процесса. При этом определение этиологической роли того или иного инфекционного агента имеет достаточно большие финансовые затраты со стороны лабораторной диагностики.

Одним из основных методов при оценке микробиологического пейзажа, используемого при диагностике пародонтита, является ПЦР-диагностика, в которой применяются различные наборы для детекции ДНК конкретных пародонтопатогенных комплексов.

В настоящее время для идентификации и поиска пародонтопатогенов в клиническом материале от пациентов используются специальные диагностические наборы для выделения и обнаружения ДНК [2]. Так, например, панели «Дентоскрин» (ООО НПФ «Литех», Россия) позволяют определить наличие в исследуемом материале следующих бактерий: *Porphyromonas endodontalis*, *Porphyromonas gingivalis*, *Aggregatibacter actinomycetemcomitans*, *Treponema denticola*, *Prevotella intermedia*, *Fusobacterium nucleatum*, *Tannerella forsythensis*. Набор «Мультидент-5» (НПФ «Генлаб», Россия) позволяет обнаружить наличие *Tannerella forsythia*, *Aggregatibacter actinomycetemcomitans*, *Porphyromonas gingivalis*, *Prevotella intermedia*, *Treponema denticola* [3, 4]. Несмотря на высокие показатели чувствительности и специфичности тест-систем, они довольно ограничены в «рутинной» лабораторной диагностике из-за относительно высокой цены ПЦР-наборов и значительной трудоёмкости.

«Классические» микробиологические исследования, состоящие из этапов выделения, накопления культуры и биохимической идентификации, долгое время были ротированы на молекулярную диагностику, а именно ПЦР-метод. В главной

мере это было связано с высокой стоимостью и недоступностью для многих микробиологических лабораторий используемых биохимических тест-систем, необходимых для видовой идентификации. И из-за длительности аналитического этапа подобная диагностика потеряла свою актуальность.

Появление в современной микробиологии метода MALDI-ToF масс-спектрометрии существенно повысило значение и необходимость выделения МО на питательных средах за счёт довольно низкой цены исследования одного образца. По этой причине в отечественной и зарубежной микробиологии появились такие термины, как «культуромика» и «культуром». Комплекс действий, направленный на увеличение количества используемых питательных сред, подбор оптимальных условий культивирования и использование MALDI-ToF масс-спектрометрии, позволил достигнуть эквивалентного уровня диагностики с уровнем пироксвенирования [5].

При этом важно отметить, что рядом авторов было отмечено, что помимо общеизвестных пародонтопатогенов, входящих в «красный» комплекс, в развитии пародонтита принимают участие разнообразные МО из рода *Streptococcus*. Несмотря на то, что в большинстве случаев используется общепринятая классификация стрептококков, основанная на гемолитической активности и антигенном составе, в последнее время всё больше учёных придерживается таксономии, концепция которой придерживается полногеномных исследований. Согласно этой классификации, стрептококки делятся на группы: *S. mitis*, *S. anginosus*, *S. salivarius*, *S. mutans*, *S. bovis* и *S. pyogenes*.

Некоторые представители рода могут участвовать в образовании биопленок и, возможно, негативно влияют на ткани пародонта при возникновении зубных бляшек [6]. Помимо этого, известным фактом является то, что стрептококки являются частой причиной развития гингивита, являющегося одним из основных факторов риска возникновения инфекционного эндокардита [7]. Перечисленные ранее ПЦР-тесты не обеспечивают обнаружение бактерий из группы стрептококков, которые могут участвовать в формировании пародонтита, а использование дополнительных наборов может значительно удорожить исследование.

В связи с этим целью нашего исследования было проведение микробиологической диагностики и анализа микробного разнообразия пародонтальных карманов пациентов с хроническим

пародонтитом для определения доминирующих групп различных пародонтопатогенов.

Материалы и методы

В период с 2020 по 2021 год было изучено 163 образца клинического материала, полученного из пародонтальных карманов пациентов с диагнозом хронический пародонтит в возрасте от 25 до 75 лет (1 образец – 1 пациент). Диагноз ставился на основании классификации МКБ-10, все пациенты дали добровольное информированное согласие на участие в исследовании.

Взятие биоматериала из пародонтального кармана пациента проводилось с использованием стерильного одноразового стоматологического зонда. Далее зонд с биоматериалом помещался в пробирку с 2 мл тиогликолиевой питательной транспортной среды, для сохранения жизнеспособности аэробных и анаэробных МО. В течение 2 часов биоматериал доставлялся в микробиологическую лабораторию. В дальнейшем был проведён посев на 7 питательных сред: 5 % кровяной агар с дефибрированной бараньей кровью, универсальную хромогенную среду, *Veilonella*-агар, агар для анаэробов, *Clostridium*-агар, агар для лактобактерий, *Brucella*-агар с добавлением 7 % дефибрированной бараньей кровью. Дополнительно на чашки Петри с питательными средами помещали диски с антибактериальными препаратами: ампициллин 10 мкг, ципрофлоксацин 5 мкг, эритромицин 15 мкг; далее засеянные чашки с дисками с антибактериальными препаратами инкубировались в анаэробных и аэробных условиях в течение 7 суток при температуре 37°C. Анаэробные условия создавали с использованием газогенерирующих пакетов («Анаэрогаз», Россия). Идентификация всех выделенных штаммов МО проводилась с использованием MALDI-TOF масс-спектрометрии на приборе Microflex LT (Bruker™, Германия). Для обнаружения *S. pneumoniae* применялись дополнительные тесты с оптохином и желчью. Серотипирование выделенных пневмококков не проводилось.

Результаты

Всего за период исследования было выделено 116 видов различных патогенов и в общей сложности 1261 штамм бактерий. Отдельно был проанализирован 291 штамм (23,0%) МО, которые входят в пародонтопатогенные комплексы.

Доминирующей группой бактерий оказались патогены, относящиеся к «жёлтому» пародонтопатогенному комплексу, следующую позицию заняли представители «оранжевого» комплекса.

Также были выделены бактерии из «пурпурного» и «зелёного» комплексов (рис. 1).

«Жёлтый» комплекс главным образом представлен бактериями из рода *Streptococcus* (всего 206 штаммов), а именно: *S. oralis* (86 штаммов), *S. sanguinis* (22 штамма), *S. gordonii* (20 штаммов), *S. intermedius* (21 штамм), *S. mitis* (57 штаммов). Все вышеперечисленные МО относятся к группе *S. mitis*, за исключением *S. intermedius*, который принадлежит группе *S. anginosus*. Бактерии вида *S. gordonii* имеют потенциальное значение в развитии верхушечного периодонтита за счёт воспалительного действия на ткани, благодаря наличию определённых структурных элементов клетки. Липопротеин *S. gordonii* вызывает индуцируемую экспрессию и секрецию хемокинов (IL-8, моноцитарного хемоаттрактантного белка, циклооксигеназы-2, простагландина E2) в клетках пульпы [8]. Также запуская усиление дифференцировки остеокластов или подавления дифференцировки остеобластов, в конечном итоге приводя к резорбции альвеолярной кости [9]. *S. intermedius* аналогично принимает участие в воспалительных реакциях при поражении тканей зуба за счёт синтеза гиалуронидаз и хондроитинсульфатаз [10]. Помимо этого, по данным литературы, отмечено, что *S. intermedius* и *S. gordonii* играют роль в образовании абсцессов при локализации в головном мозге или печени. И, конечно, как и многие оральные стрептококки, они могут принимать участие в патогенезе возникновения инфекционных эндокардитов [11]. Данные факты делают указанные МО вероятными участниками развития пародонтита.

Из «оранжевого» комплекса были выделены 50 штаммов различных МО: в подавляющем большинстве были изолированы из клинического материала *S. constellatus* (41 штамм). Нередко наличие *S. constellatus* ассоциировано с зубным

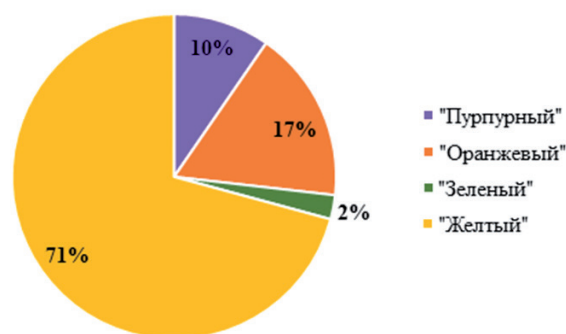


Рис. 1. Распространённость выделенных пародонтопатогенных комплексов

налётом и участием в возникновении заболеваний тканей пародонта [12]. Далее по количеству выделенных штаммов следуют *F. nucleatum* (4 штамма), *Campylobacter showae* (2 штамма) и по одному штамму были выделены *Campylobacter curvus*, *Campylobacter rectus*, *P. intermedia*. По литературным данным, перечисленные комбинации бактерий оказывают существенное повреждающее действие на ткани пародонта [13].

Следующую позицию занимает «пурпурный» комплекс. Были изолированы 28 штаммов, среди которых: *Veillonella parvula* (10 штаммов), *Actinomyces odontolyticus* (15 штаммов), *Actinomyces naeslundii* (3 штамма).

V. parvula может стать причиной поражения тканей пародонта, костной и хрящевой ткани. В одном из исследований, проведённом итальянскими учёными, было отмечено, что в участках обнаружения МО происходит активация моноцитов, макрофагов и фибробластов с последующей продукцией ряда цитокинов: TNF- α , IL-1 β и IL-6. Перечисленные провоспалительные медиаторы управляют каскадом деструктивных событий, происходящих в тканях пародонта, и запускают выработку ряда воспалительных ферментов, что, возможно, приводит к необратимому повреждению твёрдых и мягких тканей [14].

Что касается потенциального действия актиномицет из «пурпурного», в научных публикациях недостаточно информации, посвящённой этой теме, однако известно, что они являются ранними колонизаторами при образовании зубной бляшки и могут способствовать присоединению других патогенов из более агрессивных пародонтопатогенных комплексов [15, 16].

Бактерии, относящиеся к «зелёному» комплексу, замыкают когорту пародонтопатогенов, и среди них были выделены *Eikenella corrodens* (6 штаммов), *Carpnocytophaga ochracea* (1 штамм). *Eikenella corrodens* является представителем группы бактерий НАСЕК, в которую входят *Haemophilus parainfluenzae*, *Aggregatibacter spp.* (*A. actinomycetemcomitans*, *A. aphrophilus*, *A. paraphrophilus* и *A. segnis*), *Cardiobacterium hominis* и *Cardiobacterium valvarum*, *E. corrodens*, *Kingella kingae* и *Kingella denitrificans*. Указанные МО ответственны за развитие инфекционного эндокардита в 1-3% случаев, по этой причине необходимо учитывать выделение данных патогенов из содержимого пародонтальных карманов при диагностике, профилактике и лечении инфекционного эндокардита [17].

Помимо пародонтопатогенных стрептококков были выделены бактерии, принадлежащие

к группе *S. mitis*: *S. parasanguinis* (10 штаммов), *S. cristatus* (5 штаммов), *S. sinensis* (3 штамма), *S. massiliensis* (2 штамма), *S. infantis* (1 штамм), *S. australis* (1 штамм). Доминирующим по количеству выделенных штаммов оказался *S. pneumoniae* (21 штамм), безусловно имеющий доказанное клиническое значение при развитии пневмонии. В последнее время появляются научные данные, свидетельствующие о появлении возможных связей между выделением *S. pneumoniae* из пародонтальных карманов и развитием пневмонии за счёт релокализации бактерий и возможного проникновения в воздухоносные пути [18, 19]. Особенно этот факт становится актуальным с учётом этиологической роли пневмококков при микроаспирации слюны во время сна [20].

Группа *S. salivarius* включает всего два вида: *S. vestibulral* (59 штаммов) и *S. salivarius* (44 штамма). Дополнительно были выделены по одному штамму *S. sorbitus* и *S. mutans*.

Также были выделены стрептококки из группы *S. anginosus*, а именно *S. anginosus* (90 штаммов), выделенных из пародонтальных карманов 90 пациентов. *S. anginosus* является частым представителем орофарингеальной флоры и желудочно-кишечного тракта, однако не исключено их влияние на развитие различных инвазивных заболеваний. У представленного патогена был определён ряд предполагаемых факторов вирулентности, в которые входит фибронектин-связывающий белок, гиалуронидаза, рибонуклеазы, дезоксирибонуклеазы и хондроитинсульфатаза [21, 22].

Безусловно, важным является то, что выделение в посевах пародонтопатогенных стрептококков, относящихся к «жёлтому» и «оранжевому» комплексам, было ассоциировано с выделением бактерий из других комплексов, данные о которых представлены в таблице. По причине высоких показателей выделения *S. anginosus* они также были включены в анализ (табл. 1).

Заключение

Классификация пародонтопатогенов была предложена ещё в 20 веке, и с тех пор она лишь незначительно дополнялась и корректировалась [23]. Безусловно, важное и доказанное клиническое значение в развитии инфекций пародонта имеют бактерии-представители «красного» комплекса. Эти данные неоднократно подтверждались многими учёными, которые занимаются диагностикой и лечением инфекций зубочелюстной системы. Идентификация патогенов из этого комплекса в большинстве случаев проводится с использованием различных коммерческих

Таблица 1. Миксты наиболее значимых стрептококков с другими пародонтопатогенами

| | <i>constellatus</i> | <i>mitis</i> | <i>sanguinis</i> | <i>gordonii</i> | <i>intermedius</i> | <i>anginosus</i> |
|-------------------------|---------------------|--------------|------------------|-----------------|--------------------|------------------|
| <i>F. nucleatum</i> | 2 | 2 | 1 | 1 | – | 3 |
| <i>P. intermedia</i> | 1 | 1 | – | – | – | 1 |
| <i>C. showae</i> | – | 2 | 2 | 1 | – | 1 |
| <i>C. rectus</i> | 1 | 1 | – | – | – | 1 |
| <i>C. curvus</i> | – | – | 2 | – | – | 1 |
| <i>E. corrodens</i> | 2 | 4 | 2 | – | 1 | 4 |
| <i>C. ochracea</i> | – | – | 1 | – | – | 1 |
| <i>A. naeslundii</i> | 1 | 1 | 1 | – | – | 3 |
| <i>A. odontolyticus</i> | 8 | 4 | 4 | 6 | – | 8 |
| <i>V. parvula</i> | 5 | 2 | 5 | 3 | – | 1 |
| Монокультура | 4 | 8 | 1 | 5 | 4 | 24 |

ПЦР-наборов, применяемых для выделения ДНК конкретных видов бактерий. Однако, используя только этот метод идентификации, мы значительно уменьшаем поле микробиологического поиска этиологической причины в возникновении патологического процесса различных тканей зуба.

Также одним из значительных недостатков ПЦР-диагностики является невозможность определения чувствительности к антимикробным химиопрепаратам, осуществление которого необходимо для увеличения вероятности эрадикации патогена и уменьшения рисков развития осложнений разного характера.

Революционным направлением в микробиологической практике, позволяющим качественно и относительно быстро проводить видовую идентификацию, стал метод MALDI-TOF масс-спектрометрии. Идентификация пародонтопатогенов из большинства комплексов не требует значительных расходов в использовании различного рода реагентов, а также не требует серьёзных затрат времени в пробоподготовке. Тем не менее и у этого метода есть свои недостатки. Для идентификации бактерий необходимо получение микробной биомассы, выделенной с использова-

нием различных питательных сред при создании определённых условий для культивирования.

Не всегда удаётся получить рост представителей пародонтопатогенов из «красного» комплекса. Зачастую этому мешает обильный рост резидентов, являющихся естественными обитателями ротовой полости. По этой причине в настоящее время необходима разработка алгоритмов, направленных на выделение сложно культивируемых и прихотливых бактерий для комплексной оценки инфекций тканей пародонта.

Именно в связи с этим, на наш взгляд, в настоящее время имеет смысл совместного использования в диагностике пародонтитов ПЦР-методов и метода MALDI-ToF масс-спектрометрии. Целесообразность такого решения оправдана тем, что в последние годы появляется дополнительная и новая информация о значении пародонтопатогенов из комплексов, не относящихся к «красному» комплексу. В первую очередь это касается бактерий из рода *Streptococcus*, имеющих серьёзный арсенал факторов патогенности, с помощью которых они способны вызывать локальные и генерализованные инфекции.

Литература

1. Kassebaum N.J., E. Bernabé, M. Dahiya, et al. Global burden of severe periodontitis in 1990- 2010: a systematic review and meta-regression. *J Dent Res.* 2014;93(11):1045-1053. doi: 10.1177/0022034514552491
2. Gaertig C., Niemann K., Berthold J., et al. Development of a point-of-care-device for fast detection of periodontal pathogens. *BMC Oral Health.* 2015;15:165. doi: 10.1186/s12903-015- 0155-y
3. Колчанова Н.Э. Роль микрофлоры и её способность формировать биопленку в патогенезе хронического пародонтита. *Вестник Витебского государственного медицинского университета.* 2017;16(5):127-135.
4. Волков А.Н. Апробация тест-системы для одновременного ПЦР-анализа пяти пародонтопатогенных микроорганизмов в биологическом образце. *Медицина в Кузбассе.* 2014;13(4):14-18.
5. Navrátilová L., Procházková P., Bardoň J., et al. Performance of pyrosequencing versus MALDI-TOF MS in bacteria identification in chronic lung disease. *J Biol Methods.* 2016 Aug 13;3(4):e52. doi: 10.14440/jbm.2016.125
6. Belstrøm D., Constancias F., Markvart M., et al. Transcriptional Activity of Predominant *Streptococcus* Species at Multiple Oral Sites Associate With Periodontal Status.

- Front Cell Infect Microbiol. 2021;11:752664. doi: 10.3389/fcimb.2021.752664
7. Chamat-Hedemand S., Dahl A., Østergaard L., et al. Prevalence of Infective Endocarditis in Streptococcal Bloodstream Infections Is Dependent on Streptococcal Species. *Circulation*. 2020;142(8):720-730. doi: 10.1161/CIRCULATIONAHA.120.046723
8. Park O.J., Kwon Y., Park C., et al. Streptococcus gordonii: Pathogenesis and Host Response to Its Cell Wall Components. *Microorganisms*. 2020;8(12):1852. doi: 10.3390/microorganisms8121852
9. Park O.J., Kim J., Kim H.Y., et al. Streptococcus gordonii induces bone resorption by increasing osteoclast differentiation and reducing osteoblast differentiation. *Microb Pathog*. 2019;126:218-223. doi: 10.1016/j.micpath.2018.11.005
10. Grinwis M.E., Sibley C.D., Parkins M.D., et al. Characterization of Streptococcus milleri group isolates from expectorated sputum of adult patients with cystic fibrosis. *J Clin Microbiol*. 2010;48(2):395-401.
11. Pilarczyk-Zurek M., Sitkiewicz I., Koziel J. The Clinical View on Streptococcus anginosus Group - Opportunistic Pathogens Coming Out of Hiding. *Front. Microbiol*. 2022;13:956677. doi: 10.3389/fmicb.2022.956677
12. Socransky S.S., Haffajee A.D., Cugini M.A., et al. Microbial complexes in subgingival plaque. *J Clin Periodontol*. 1998;25(2):134-144.
13. Haffajee A.D., Socransky S.S., Patel M.R., et al. Microbial complexes in supragingival plaque. *Oral Microbiol. Immunol*. 2008;23(3):196-205.
14. Matera G., Muto V., Vinci M., et al. Receptor recognition of and immune intracellular pathways for Veillonella parvula lipopolysaccharide. *Clin Vaccine Immunol*. 2009;16(12):1804-9. doi: 10.1128/CVI.00310-09
15. Bourgeois D., Bravo M., Llodra J.C., et al. Calibrated interdental brushing for the prevention of periodontal pathogens infection in young adults – a randomized controlled clinical trial. *Sci Rep*. 2019;9(1):15127. doi: 10.1038/s41598-019-51938-8
16. Carrouel F., Viennot S., Santamaria J., et al. Quantitative Molecular Detection of 19 Major Pathogens in the Interdental Biofilm of Periodontally Healthy Young Adults. *Front Microbiol*. 2016;7:840. doi: 10.3389/fmicb.2016.00840
17. Revest M., Egmann G., Cattoir V., et al. HACEK endocarditis: state-of-the-art. *Expert Rev Anti Infect Ther*. 2016;14(5):523-30. doi: 10.1586/14787210.2016.1164032.
18. Kim S.J., Kim K., Choi S., et al. Chronic periodontitis and community-acquired pneumonia: a population-based cohort study. *BMC Pulm Med*. 2019 Dec 30;19(1):268. doi: 10.1186/s12890-019-1017-1
19. Linden G.J., Lyons A., Scannapieco F.A. Periodontal systemic associations: review of the evidence. *J Clin Periodontol*. 2013 Apr;40 Suppl 14: S8-19. doi: 10.1111/jcpe.12064
20. Чучалин А. Г., Синопальников А.И., Козлов Р.С. и др. Внебольничная пневмония у взрослых: практические рекомендации по диагностике, лечению и профилактике. *Инфекционные болезни: новости, мнения, обучение*. 2013; № 2 (3): 91-123.
21. Kodama Y., Ishikawa T., Shimoyama Y., et al. The fibronectin-binding protein homologue Fbp62 of Streptococcus anginosus is a potent virulence factor. *Microbiol Immunol*. 2018;62(10):624-634. doi: 10.1111/1348-0421.12646
22. Jacobs J.A., Stobberingh E.E. Hydrolytic enzymes of Streptococcus anginosus, Streptococcus constellatus and Streptococcus intermedius in relation to infection. *Eur J Clin Microbiol Infect Dis*. 1995;14(9):818-20. doi: 10.1007/BF01691002
23. Царев В.Н., Арутюнов С.Д., Балмасова И.П., и др. Молекулярная диагностика и метагеномный анализ микробиоты пародонта у пациентов с сахарным диабетом II типа. *Бактериология*. 2018;3(2):30-7.

Сведения об авторах

Бажутова Ирина Владимировна – к.м.н., доцент кафедры стоматологии ИПО, ФГБОУ ВО

«Самарский государственный медицинский университет» Минздрава России, 443041, г. Самара, ул. Агибалова, д. 12. E-mail: docba@mail.ru.

Исмагуллин Данир Дамирович – к.м.н., ассистент кафедры общей и клинической микробиологии, иммунологии и аллергологии ФГБОУ ВО «Самарский государственный медицинский университет» Минздрава России, 443079, г. Самара, ул. Гагарина, д. 18. E-mail: danirhalitov@mail.ru.

Лямин Артём Викторович – д.м.н., профессор кафедры общей и клинической микробиологии, иммунологии и аллергологии ФГБОУ ВО «Самарский государственный медицинский университет» Минздрава России, 443079, г. Самара, ул. Гагарина, д. 18. E-mail: avlyamin@rambler.ru.

Трунин Дмитрий Александрович – д.м.н., профессор, зав. кафедрой стоматологии ИПО, ФГБОУ ВО «Самарский государственный медицинский университет» Минздрава России, 443041, г. Самара, ул. Агибалова, д. 12. E-mail: trunin-027933@yandex.ru.

Поступила 24.11.2022 г.