

УДК 616.216.1-002.3:616.379-008.64]-036.1-008.87:579.8

О.О. Мазур, О.Г. Плаксивий, І.В. Калуцький, К.І. Яковець

## ТАКСОНОМІЧНИЙ СКЛАД ТА ПОПУЛЯЦІЙНИЙ РІВЕНЬ МІКРОБІОТИ ВМІСТУ ВЕРХНЬОЩЕЛЕПНИХ ПАЗУХ У ХВОРИХ НА ХРОНІЧНИЙ ГНІЙНИЙ СИНУЇТ ІЗ ЦУКРОВИМ ДІАБЕТОМ 1-ГО ТИПУ ЗАЛЕЖНО ВІД ТЯЖКОСТІ ЙОГО ПЕРЕБІГУ

Вищий державний навчальний заклад України «Буковинський державний медичний університет», м. Чернівці

**Резюме.** Проведено мікробіологічне обстеження 97 зразків вмісту порожнини верхньощелепних пазух. Основну групу склали 50 хворих на хронічний гнійний верхньощелепний синуїт (ХГВС) із цукровим діабетом (ЦД) 1-го типу віком 15-54 роки. Серед хворих основної групи ендокринологи встановили в 11 осіб перебіг цукрового діабету 1-го типу середньої тяжкості, у 39 – тяжкий ступінь перебігу. Контрольну групу склали 47 практично здорових осіб.

У хворих на ХГВС із ЦД 1-го типу середньої тяжкості у вмісті гайморових пазух кількість лактобацил зменшується на 52,75 %, *S. salivarius* – на 56,05 %, *S. sanguis* – на 86,17 %, *S. mitis* – на 45,33 %, *M. luteus* – на 24,10 %. На фоні зниження в біотопі кількості автохтонних облигатних анаеробних та аеробних бактерій зростає кількість умовно-патогенних бактерій роду *Prevotella* на 63,2 %, *Bacteroides* – на 13,60 %, *Fusobacterium* – на 59,33 %, а також *S. pyogenes* – на 25,50 %, і патогенних для біотопу *H. influenzae* – на 47,71 %, *M. catarrhalis* – на 61,77 %. Бактерії, що контамінують вміст гайморових пазух (*S. pneumoniae*, *E. coli*) досяють помірного (*E. coli*) і високого (*S. pneumoniae*) популяційного рівня. Домінуюча роль у мікроекологічній системі порожнини верхньощелепної пазухи хворих на ХГВС з ЦД 1-го типу середньої тяжкості перебігу на

основі значень ККД, КЗ, індексу постійності і домінування Бергера-Паркера належить *S. epidermidis*, *Bacteroides spp.*, *S. pneumoniae*, *M. luteus*, *M. catarrhalis*, *H. influenzae*, *Prevotella spp.*, *Fusobacterium spp.*, *S. viridans*, *S. mitis*, *S. pyogenes*. У хворих на ХГВС із тяжким перебігом ЦД 1-го типу зростає домінуюча роль у мікробіотичних асоціаціях патогенних та умовно-патогенних *S. pneumoniae* – на 43,69 %, бактерії роду *Bacteroides* – на 64,10 %, *Prevotella* – у 2,03 рази, *S. pyogenes* – на 84,62 %, *S. aureus* – на 64,10 %, *H. influenzae* і *M. catarrhalis* – на 35,60 %, дріжджоподібних грибів роду *Candida* – у 2,46 рази. При цьому у хворих з тяжким перебігом ЦД 1-го типу зменшується роль домінуючого впливу на стан мікробіоценозу бактерій роду *Fusobacterium* – на 5,36 %, *S. viridans* – на 5,36 %, *S. salivarius* – у 4,88 рази, *S. epidermidis* – на 75,00 %. Тяжкість перебігу ЦД 1-го типу у хворих на ХГВС негативно впливає на таксономічний склад та популяційний рівень мікробіоти і характеризується зниженням домінуючої ролі облигатних бактерій та суттєвим зростанням патогенних та умовно-патогенних мікроорганізмів гайморових пазух.

**Ключові слова:** синуїт (гайморит), мікрофлора, дисбіоз, цукровий діабет.

**Вступ.** За останні роки питання про етіологію риносинуїтів підлягає ретельному вивченню і перегляду [9]. На сьогоднішній день порівняно добре вивченим є питання формування порушень мікробіоти порожнини товстої кишки у хворих на хронічний гнійний синуїт [2]. Менш вивченим залишається питання про порушення в біоценозі верхніх дихальних шляхів у хворих на ХГВС при ЦД 1-го типу. У хворих на хронічні запальні захворювання верхніх дихальних шляхів часто спостерігаються мікроекологічні порушення нормального біоценозу слизової оболонки верхніх дихальних шляхів [2, 3]. Склад мікрофлори, що висівається з порожнини носа і біляносових пазух, різноманітний. Найбільш частими збудниками гострих риносинуїтів є наступні мікроорганізми: *Streptococcus pneumoniae* і *Haemophilus influenzae*. Рідше збудниками можуть бути *Streptococcus pyogenes*, *Moraxella catarrhalis*, *Staphylococcus aureus*, анаероби [4, 6]. Елімінація ендогенної мікрофлори призводить до активації умовно-патогенних мікроорганізмів, що погіршує перебіг основного захворювання [2].

Хронізація процесу, як правило, є наслідком неадекватно проведеної попередньої терапії, у результаті якої збудник не був повністю елімінований із організму та продовжує персистувати [9]. Значною мірою вища дисбіозу посилюються

під впливом антибіотиків, які є основою етіотропного лікування гострих та загострень хронічних гнійних процесів, особливо у пацієнтів із цукровим діабетом 1-го типу.

Серед багатьох побічних проблем, які негативно впливають на економіку всіх без винятку країн і здоров'я всього людства, цукровий діабет посідає одне з перших місць, захворюваність на який постійно зростає і кожні 15-20 років кількість хворих подвоюється. Тому вивчення якісного та кількісного складу і кількісної характеристики асоціацій мікробіоти принососових пазух у хворих на ХГВС, асоційований з цукровим діабетом 1-го типу, є необхідним не тільки для діагностики, а й для розробки ефективної індивідуальної лікувальної тактики, особливо залежної від тяжкості перебігу ЦД 1-го типу.

**Мета дослідження.** Вивчити таксономічний склад та популяційний рівень мікробіоти вмісту верхньощелепних пазух у хворих на ХГВС залежно від тяжкості перебігу поєданого ЦД 1-го типу.

**Матеріал і методи.** Проведено мікробіологічне обстеження 97 зразків вмісту порожнини верхньощелепних пазух. Основну групу склали 50 хворих на ХГВС з цукровим діабетом 1-го типу віком 15-54 роки. Серед хворих основної групи ендокринологи встановили в 11 осіб перебіг цук-

рового діабету 1-го типу середньої тяжкості, у 39 – тяжкий ступінь перебігу. Контрольну групу склали 47 практично здорових осіб.

В усіх обстежуваних брали вміст порожнини пазух і негайно піддавали мікробіологічному обстеженню, яке направлене на виділення та ідентифікацію облигатних анаеробних, факультативних анаеробних та аеробних автохтонних, алохтонних, грампозитивних і грамнегативних бактерій і дріжджоподібних грибів роду *Candida*. Виділення та ідентифікація життєздатних (колонієутворюючих) мікроорганізмів проводили за загальновідомими методами встановлення відповідних до кожного мікроба характеристик: морфології, тинкторіальних особливостей, характеру росту на твердих і рідких середовищах, процесів обміну (біохімічні властивості), антигенну структуру та чутливість до антибіотичних препаратів [8].

Для росту і розмноження мікроорганізмів використовували оптимальні для кожного виду поживні середовища, на яких культивували посіви. Облігатні анаеробні бактерії вирощували в стаціонарному анаеростаті «CO<sub>2</sub> – incubator, T-125» фірми ASSAB Medsin (Sweden) протягом 5-7 днів, інколи 14 діб. Факультативні анаеробні та аеробні мікроорганізми вирощували в термостаті протягом 1-2 діб [1, 9, 10].

Враховуючи те, що число бактерій та дріжджоподібних грибів роду *Candida* на одиницю об'єму (мл) патологічного матеріалу сягає мільйонів та мільярдів мікробних клітин, для зручності викладу матеріалу і статистичного опрацювання результатів використовували десяткові логарифми кількісного показника мікроорганізмів (lg КУО\мл – колонієутворюючих одиниць).

Одержані результати клініко-мікробіологічних досліджень проаналізовані з використанням методів варіаційної статистики з використанням середньої арифметичної (M), похибки середньої ( $\pm m$ ). Достовірність відмінностей між середніми величинами вибірок проводили з використанням t-критерію Стьюдента. Різниці середніх і відносних частот вважали значущими при рівні достовірної ймовірності (P) менше 0,05. Статистичне опрацювання проводили за допомогою програмного продукту Statistica for Windows 5.0 (Statsoft, USA)[5].

#### Результати дослідження та їх обговорення.

Тривалість життя хворого на ЦД 1-го типу, його працездатність визначають, у першу чергу, діабетичні макро- і мікроангіопатії – сучасні «підводні рифи», що розбивають життя хворих на ЦД. Перебіг останнього носить тяжкий або середньої тяжкості характер. Серед обстежених нами хворих на ЦД 1-го типу було 39 осіб (78,0 %) із тяжким перебігом та 11 (22,0 %) пацієнтів, в яких відзначався клінічний перебіг середнього ступеня тяжкості. Першим етапом було вивчення мікробіоти вмісту гайморових пазух у хворих на ХГВС, поєднаний із ЦД 1-го типу, середнього ступеня тяжкості. Результати дослідження таксономічного складу мікробіоти вмісту гайморових пазух у

хворих на ХГВС із ЦД 1-го типу середнього ступеня тяжкості перебігу наведені в таблиці 1.

У хворих на ХГВС із ЦД 1-го типу середнього ступеня тяжкості елімінують із біотопу мультифункціональні за роллю в мікроекологічній системі бактерії роду *Bifidobacterium* і *Lactobacillus*, а також бактерії роду *Streptococcus* (*S. salivarius*, *S. sanguis*, *S. mutans*, *S. mitis*, *L. lactis*), *Corynebacterium*. На цьому фоні здійснюється контамінація вмісту гайморових пазух патогенними та умовно-патогенними бактеріями роду *Prevotella*, *Fusobacterium*, *Streptococcus* (*S. pneumoniae*, *S. pyogenes*, *S. viridans*), *Staphylococcus* (*S. aureus*, *S. epidermidis*), *H. influenzae*, *M. catarrhalis*, *E. coli* і дріжджоподібними грибами роду *Candida*. Такі зміни призвели до порушень домінування в мікробіоценозі автохтонних облигатних бактерій.

За індексом постійності, частотою зустрічальності та індексом домінування Бергера-Паркера часто трапляються в мікробіоценозі порожнини гайморових пазух у хворих на ХГВС із ЦД 1-го типу середнього ступеня тяжкості, умовно-патогенні бактерії роду *Bacteroides*, *S. pneumoniae*, *S. viridans*, *S. mitis*, *M. luteus*, *S. epidermidis*, *H. influenzae*, *M. catarrhalis*, бактерії роду *Prevotella* і *Fusobacterium*.

До додаткових методів обстеження, що формують угруповання мікробіоти біотопу віднесені *S. pyogenes*, *S. salivarius*, *S. sanguis*, *S. aureus*, *E. coli* та дріжджоподібні гриби роду *Candida*. Більшу інформацію про роль кожного таксона в мікробіоценозі мають кількісні показники мікробіоти будь-якого біотопу. Результати вивчення популяційного рівня мікробіоти вмісту гайморових пазух у хворих на ХГВС із ЦД 1-го типу середнього ступеня тяжкості наведені в таблиці 2.

У хворих на ХГВС, поєднаний із ЦД 1-го типу, перебіг якого розглядається як середньої тяжкості, у вмісті гайморових пазух настає елімінація автохтонних облигатних бактерій роду *Bifidobacterium*, *Lactobacillus*, *S. mutans*, *L. lactis* та сформований дефіцит представників індигенної (*S. salivarius*, *S. sanguis*, *S. mitis*, *M. luteus*) мікробіоти. Кількість лактобацил зменшується на 52,75 %, *S. salivarius* на 56,05 %, *S. sanguis* – на 86,17 %, *S. mitis* – на 45,33 %, *M. luteus* – на 24,10 %. На фоні зниження в біотопі кількості автохтонних облигатних анаеробних, факультативних анаеробних та аеробних бактерій зростає кількість умовно-патогенних бактерій роду *Prevotella* на 63,2 %, *Bacteroides* – на 13,60 %, *Fusobacterium* – на 59,33 %, а також *S. pyogenes* – на 25,50 %, і патогенних для біотопу *H. influenzae* – на 47,71 %, *M. catarrhalis* – на 61,77 %. Бактерії, що контамінують вміст гайморових пазух (*S. pneumoniae*, *E. coli*) досяють помірного (*E. coli*) і високого (*S. pneumoniae*) популяційного рівня.

Зміна якісного, а також кількісного складу мікробіоти вмісту порожнини гайморових пазух призводить до порушень саморегуляції мікробних угруповань (асоціацій), що проявляються змінами домінування одних таксонів над іншими.

Таблиця 1

## Таксономічний склад мікробіоти вмісту верхньощелепних пазух у хворих на хронічний гнійний верхньощелепний синусит із цукровим діабетом 1-го типу середнього ступеня тяжкості

М.О.	Основна група (хворі на ХГВС із ЦД 1-го типу)(n=11)				Контрольна група (практично здорові особи) (n=47)				P
	Виділено штампів	ІП	ЧЗ	ІДБП	Виділено штампів	ІП	ЧЗ	ІДБП	
1.Облігатні анаеробні бактерії									
<i>Bifidobacterium</i> spp.	0	-	-	-	6	12,77	0,03	0,032	-
<i>Lactobacillus</i> spp.	1	9,09	0,02	0,020	32	68,09	0,17	0,169	-
<i>Bacteroides</i> spp.	4	36,36	0,08	0,078	12	25,53	0,06	0,063	>0,05
<i>Prevotella</i> spp.	3	27,27	0,06	0,059	5	10,38	0,03	0,026	<0,05
<i>Fusobacterium</i> spp.	3	27,27	0,06	0,059	1	2,13	0,01	0,005	-
2.Факультативні анаеробні та аеробні мікроорганізми									
<i>S. pneumoniae</i>	4	36,36	0,08	0,078	0	-	-	-	-
<i>S.pyogenes</i>	2	18,18	0,04	0,039	1	2,13	0,01	0,005	-
<i>S.viridans</i>	3	27,27	0,06	0,059	3	6,38	0,02	0,016	<0,05
<i>S. salivarius</i>	2	18,18	0,04	0,039	27	57,45	0,14	0,078	<0,05
<i>S.sanguis</i>	2	18,18	0,04	0,039	12	25,53	0,06	0,063	>0,05
<i>S. mitis</i>	3	27,27	0,06	0,059	16	34,04	0,09	0,085	>0,05
<i>S. mutans</i>	0	-	-	-	3	6,38	0,02	0,016	-
<i>M. luteus</i>	4	36,36	0,08	0,078	8	17,02	0,04	0,043	<0,05
<i>L. lactis</i>	0	-	-	-	23	48,94	0,12	0,122	-
<i>S. aureus</i>	2	18,18	0,04	0,039	5	10,38	0,03	0,027	>0,05
<i>S.epidermidis</i>	5	45,45	0,10	0,098	14	29,79	0,07	0,074	>0,05
<i>Corynebacterium</i> spp.	1	9,09	0,02	0,020	7	14,89	0,04	0,039	-
<i>Neisseria</i> spp.	1	9,09	0,02	0,020	4	8,51	0,02	0,021	-
<i>H. influenzae</i>	3	27,27	0,06	0,059	2	4,26	0,01	0,011	<0,05
<i>M. catarrhalis</i>	3	27,27	0,06	0,059	3	6,38	0,02	0,016	<0,05
<i>E. coli</i>	2	18,18	0,04	0,039	0	-	-	-	-
<i>Candida</i> spp.	2	18,18	0,04	0,039	4	8,51	0,02	0,021	>0,05

Примітка. ЧЗ – частота зустрічальності; ІП – індекс постійності; ІДБП – індекс домінування Бергера-Паркера

Ці зміни зумовлені не тільки самими мікроорганізмами, а також зміною під впливом мікроорганізмів просторово-харчових ресурсів біотопу (запальний процес) та умов середовища існування мікроорганізмів (можливо зниження фізіологічної активності факторів і механізмів неспецифічного (лізоцим, інтерферони, система комплементу, лактоферон, slg A та ін.) протиінфекційного і специфічного імунного (імуноглобуліни, TCD8<sup>+</sup>-лімфоцити, гамма-, дельта-Т-лімфоцити та ін.) захисту. Показано, що за коефіцієнтом кількісного домінування, коефіцієнтом значущості та індексом домінування Бергера-Паркера домінуючими мікроорганізмами стають *S. epidermidis*, ККД якого зростає на 51,33 %. Цей мікроорганізм стає домінуючим в угрупованні мікробіоти. При цьому зростає домінуюча роль в мікро-

біоценозі вмісту гайморових пазух умовно-патогенних бактерій роду *Bacteroides* у 2,04 раза, *Prevotella* – у 4,45 раза, *Fusobacterium* – у 214,93 раза, а також *S. pyogenes* – в 11,31 раза, *S. viridans* – у 3,61 раза, *S. aureus* – в 1,77 раза, *H. influenzae* – у 10,01 раза, *M. catarrhalis* – у 7,31 раза, дріжджоподібних грибів роду *Candida* – у 2,27 раза. Зростання функціональної ролі в мікробіоценозі вмісту пазух у хворих на ХГВС, поєднаний із ЦД 1-го типу середньої тяжкості перебігу, патогенних та умовно-патогенних мікроорганізмів зумовлено суттєвим зниженням домінуючої ролі автохтонних облігатних бактерій роду *Lactobacillus* – у 12,35 раза, *S. salivarius* – у 4,67 раза, *S. sanguis* – у 2,47 раза, *S. mitis* – на 71,61 %. Виходячи із значень ККД, ЧЗ, індексу постійності і домінування Бергера-Паркера, домінуюча роль у мікроекологі-

Таблиця 2

**Популяційний рівень мікробіоти вмісту верхньощелепних пазух у хворих на хронічний гнійний верхньощелепний синусит із цукровим діабетом 1-го типу середнього ступеня тяжкості**

М.О.	Основна група (хворі на ХГВС із ЦД 1-го типу) (n=11)			Контрольна група (практично здорові особи) (n=47)			P
	ПР в ІgКУО/мл, M±m	ККД	КЗ	ПР в ІgКУО/мл, M±m	ККД	КЗ	
1.Облігатні анаеробні бактерії							
<i>Bifidobacterium spp.</i>	0	-	-	6,43±0,41	17,04	0,043	-
<i>Lactobacillus spp.</i>	4,00	6,99	0,02	6,11±0,36	86,31	0,215	-
<i>Bacteroides spp.</i>	5,43±0,18	51,56	0,10	4,78±0,18	25,32	0,063	□0,05
<i>Prevotella spp.</i>	5,19±0,08	30,50	0,07	3,18±0,09	6,85	0,018	□0,001
<i>Fusobacterium spp.</i>	4,78±0,11	28,59	0,06	3,00	1,33	0,003	-
2.Факультативні анаеробні та аеробні мікроорганізми							
<i>S. pneumoniae</i>	5,92±0,21	47,20	0,10	0	-	-	-
<i>S.pyogenes</i>	5,02±0,8	20,01	0,04	4,00	1,77	0,004	-
<i>S.viridans</i>	4,29±0,16	25,66	0,06	5,37±0,17	7,11	0,018	<0,05
<i>S. salivarius</i>	4,71±0,12	18,78	0,04	7,35±0,37	87,61	0,220	<0,01
<i>S.sanguis</i>	3,11±0,18	12,40	0,03	5,79±0,24	30,67	0,077	<0,01
<i>S. mitis</i>	3,64±0,09	21,77	0,05	5,29±0,18	37,36	0,018	<0,01
<i>S. mutans</i>	0	-	-	4,05±0,09	5,76	0,013	-
<i>M. luteus</i>	4,93±0,21	39,31	0,09	6,18±0,21	21,82	0,055	<0,05
<i>L. lactis</i>	0	-	-	7,27±0,32	73,82	0,184	-
<i>S. aureus</i>	5,71±0,17	22,76	0,05	5,19±0,29	12,83	0,029	>0,05
<i>S.epidermidis</i>	5,13±0,12	51,13	0,11	5,47±0,28	33,81	0,084	>0,05
<i>Corynebacterium spp.</i>	3,60	7,18	0,02	3,29±0,17	10,16	0,025	-
<i>Neisseria spp.</i>	3,78	7,54	0,02	3,78±0,16	6,67	0,016	-
<i>H. influenzae</i>	5,17±0,09	30,92	0,07	3,50±0,05	3,09	0,008	<0,001
<i>M. catarrhalis</i>	5,29±0,11	31,64	0,08	3,27±0,08	4,33	0,011	<0,001
<i>E. coli</i>	3,78±0,07	15,07	0,03	0	-	-	-
<i>Candida spp.</i>	3,17±0,12	12,64	0,03	3,16±0,07	5,58	0,014	>0,05

Примітка. ПР – популяційний рівень

чній системі порожнини верхньощелепної пазухи у хворих на ХГВС, поєднаний із ЦД 1-го типу середньої тяжкості перебігу, належить *S. epidermidis*, *Bacteroides spp.*, *S. pneumoniae*, *M. luteus*, *M. catarrhalis*, *H. influenzae*, *Prevotella spp.*, *Fusobacterium spp.*, *S. viridans*, *S. mitis*, *S. pyogenes*.

Таким чином, у хворих на ХГВС, поєднаний із ЦД 1-го типу середньої тяжкості перебігу, у вмісті порожнини гайморових пазух формується дисбаланс автохтонних облігатних, факультативних та алохтонних мікроорганізмів за рахунок елімінації або формування вираженого дефіциту автохтонних облігатних (бактерій роду *Bifidobacterium*, *Lactobacillus*, *S. salivarius*, *S. sanguis*, *S. mitis*, *S. mutans*, *L. lactis* та ін.) та суттєвого зростання кількості та домінуючої ролі патогенних та

умовно-патогенних *S. pneumoniae*, *Bacteroides spp.*, *S. epidermidis*, *M. catarrhalis*, *H. influenzae*, *Prevotella spp.*, *S. viridans*, *S. pyogenes*, *S. aureus* та ін.

Нами проведено обстеження 39 хворих на ЦД 1-го типу з тяжким ступенем перебігу, в яких розвинувся ХГВС і була вивчена мікробіота вмісту порожнини гайморових пазух. Результати вивчення таксономічного складу мікробіоти вмісту порожнини верхньощелепних пазух у хворих на ХГВС, поєднаний із тяжким перебігом ЦД 1-го типу, наведені в таблиці 3.

У хворих на ХГВС із тяжким перебігом ЦД 1-го типу у вмісті порожнини гайморових пазух настає елімінація автохтонних облігатних бактерій роду *Bifidobacterium*, *Lactobacillus*, *S. sanguis*,

Таблиця 3

## Таксономічний склад мікробіоти вмісту верхньощелепних пазух у хворих на хронічний гнійний верхньощелепний синусит із цукровим діабетом 1-го типу тяжкого ступеня перебігу

М.О.	Основна група (хворі на ХГВС із ЦД 1-го типу) (n=39)				Контрольна група (практично здорові особи) (n=47)				P
	Виділено шта-мів	ІП	ЧЗ	ІДБП	Виділено шта-мів	ІП	ЧЗ	ІДБП	
Облігатні анаеробні бактерії									
<i>Bifidobacterium</i> spp.	0	-	-	-	6	12,77	0,03	0,032	-
<i>Lactobacillus</i> spp.	0	-	-	-	32	68,09	0,17	0,169	-
<i>Bacteroides</i> spp.	16	41,03	0,13	0,128	12	25,53	0,06	0,063	<0,05
<i>Prevotella</i> spp.	15	38,46	0,12	0,120	5	10,38	0,03	0,026	<0,05
<i>Fusobacterium</i> spp.	7	17,95	0,06	0,056	1	2,13	0,01	0,005	-
2. Факультативні анаеробні та аеробні мікроорганізми									
<i>S. pneumoniae</i>	14	35,90	0,11	0,112	0	-	-	-	-
<i>S.pyogenes</i>	9	23,08	0,07	0,072	1	2,13	0,01	0,005	-
<i>S.viridans</i>	7	17,95	0,06	0,056	3	6,38	0,02	0,016	<0,05
<i>S. salivarius</i>	1	2,54	0,01	0,008	27	57,45	0,14	0,142	<0,01
<i>S.sanguis</i>	0	-	-	-	12	25,53	0,06	0,063	-
<i>S. mitis</i>	0	-	-	-	16	34,04	0,09	0,085	-
<i>S. mutans</i>	0	-	-	-	3	6,38	0,02	0,016	-
<i>M. luteus</i>	0	-	-	-	8	17,02	0,04	0,043	-
<i>L. lactis</i>	0	-	-	-	23	48,94	0,12	0,122	-
<i>S. aureus</i>	8	20,51	0,06	0,064	5	10,38	0,03	0,027	<0,05
<i>S.epidermidis</i>	7	17,95	0,06	0,056	14	29,79	0,07	0,074	>0,05
<i>Corynebacterium</i> spp.	0	-	-	-	7	14,89	0,04	0,037	-
<i>Neisseria</i> spp.	0	-	-	-	4	8,51	0,02	0,021	-
<i>H. influenzae</i>	10	25,64	0,08	0,080	2	4,26	0,01	0,011	<0,01
<i>M. catarrhalis</i>	10	25,64	0,08	0,080	3	6,38	0,02	0,013	<0,05
<i>E. coli</i>	5	12,82	0,04	0,040	0	-	-	-	-
<i>E.coli</i> Hly +	2	5,13	0,02	0,016	0	-	-	-	-
<i>Klebsiella</i> spp.	1	2,54	0,01	0,008	0	-	-	-	-
<i>Enterobacter</i> spp.	1	2,54	0,01	0,008	0	-	-	-	-
<i>Candida</i> spp.	12	30,77	0,10	0,096	4	8,51	0,02	0,021	<0,05

*S. salivarius*, *S. mitis*, *S. mutans*, *M. luteus*, *L. lactis*, а також *Corynebacterium*, *Neisseria*. На цьому фоні настає контамінація біотопу патогенними (ентеротоксигенними ешерихіями) та умовно-патогенними (*E. coli*, *Klebsiella*, *Enterobacter*) ентеробактеріями, *S. pneumoniae*, *S. pyogenes*, *S. aureus*, *H. influenzae*, *M. catarrhalis* і дріжджоподібними грибами роду *Candida*, про що свідчить зростання частоти зустрічальності та індексу постійності в цих бактерій. За індексом домінування Бергера-Паркера домінуючими в мікробіоценозі біотопу були бактерії роду *Bacteroides*, *Prevotella*, *S. pneumoniae*, *H. influenzae*, *M. catarrhalis*, дріж-

жжоподібні гриби роду *Candida*, *S. pyogenes*, *S. aureus* та ін.

Результати дослідження популяційного рівня мікробіоти вмісту верхньощелепних пазух у хворих на ХГВС із тяжким перебігом ЦД 1-го типу наведені в таблиці 4.

У мікроекологічній системі «мікробіота-макроорганізм» вмісту порожнини гайморових пазух у хворих на ХГВС із тяжким перебігом ЦД 1-го типу практично відсутні автохтонні облігатні бактерії роду *Streptococcus*. Тільки в одного хворого виявлені *S. salivarius* у мінімальній кількості. Інші автохтонні облігатні мікроорганізми,

Таблиця 4

Популяційний рівень мікробіоти вмісту верхньощелепних пазух у хворих на хронічний гнійний верхньощелепний синусит із цукровим діабетом 1-го типу тяжкого ступеня перебігу

М.О.	Основна група (хворі із ХГВС із ЦД 1-го типу) (n=39)			Контрольна група (практично здорові особи) (n=47)			P
	ПР в IgKУО/мл, M±m	ККД	КЗ	ПР в IgKУО/мл, M±m	ККД	КЗ	
Облігатні анаеробні бактерії							
<i>Bifidobacterium</i> spp.	0	-	-	6,43±0,41	17,04	0,013	-
<i>Lactobacillus</i> spp.	0	-	-	6,01±0,36	86,31	0,215	-
<i>Bacteroides</i> spp.	7,02±0,23	51,25	0,16	4,78±0,18	25,32	0,063	<0,01
<i>Prevotella</i> spp.	6,56±0,20	44,89	0,14	3,18±0,09	6,85	0,018	<0,001
<i>Fusobacterium</i> spp.	5,37±0,23	17,15	0,06	3,00	1,33	0,003	-
2. Факультативні анаеробні та аеробні мікроорганізми							
<i>S. pneumoniae</i>	7,47±0,32	47,72	0,15	0	-	-	-
<i>S. pyogenes</i>	7,02±0,20	28,83	0,09	4,00	1,77	0,004	-
<i>S. viridans</i>	6,81±0,11	21,75	0,07	5,37±0,17	7,11	0,018	<0,01
<i>S. salivarius</i>	3,00	1,36	0,01	7,35±0,37	87,61	0,220	-
<i>S. sanguis</i>	0	-	-	5,79±0,24	30,67	0,077	-
<i>S. mitis</i>	0	-	-	5,29±0,18	37,36	0,018	-
<i>S. mutans</i>	0	-	-	4,05±0,09	5,76	0,013	-
<i>M. luteus</i>	0	-	-	6,18±0,21	21,82	0,055	-
<i>L. lactis</i>	0	-	-	7,27±0,32	73,82	0,184	-
<i>S. aureus</i>	5,69±0,16	20,77	0,06	5,19±0,29	12,83	0,029	<0,01
<i>S. epidermidis</i>	4,31±0,14	13,77	0,05	5,47±0,28	33,81	0,084	<0,05
<i>Corynebacterium</i> spp.	0	-	-	3,29±0,17	10,16	0,025	-
<i>Neisseria</i> spp.	0	-	-	3,78±0,16	6,67	0,016	-
<i>H. influenzae</i>	5,72±0,23	26,10	0,08	3,50±0,05	3,09	0,008	<0,01
<i>M. catarrhalis</i>	6,09±0,22	27,78	0,09	3,27±0,08	4,33	0,011	<0,001
<i>E. coli</i>	4,88±0,18	11,13	0,03	0	-	-	-
<i>E. coli</i> Hly +	5,69±0,09	5,19	0,02	0	-	-	-
<i>Klebsiella</i> spp.	4,90	2,21	0,01	0	-	-	-
<i>Enterobacter</i> spp.	4,60	2,08	0,01	0	-	-	-
<i>Candida</i> spp.	4,77±0,24	26,12	0,08	3,16±0,07	5,58	0,014	<0,01

які у практично здорових людей формують угруповання мікробів у даному біотопі, не виявляються в концентрації 3,00 IgKУО/мл. До них відносяться бактерії роду *Bifidobacterium*, *Lactobacillus*, *Streptococcus* (*S. salivarius*, *S. sanguis*, *S. mitis*, *S. mutans*, *M. luteus*, *L. lactis*), *Corynebacterium*, *Neisseria*. У мікробіоценозі провідну роль посідають патогенні та умовно-патогенні бактерії роду *Bacteroides*, роль яких у мікробіоценозі зростає у 2,02 раза; *Prevotella* – у 6,55 раза, *Fusobacterium* – у 12,89 раза. Зростає роль у мікробіоценозі *S. pneumoniae*, *S. pyogenes* – у 16,29 раза, *S. viridans* – у 3,06 раза, *S. aureus* – на 61,89 %, *H. influenzae*

– у 8,45 раза, *M. catarrhalis* – у 6,42 раза і дріжджоподібних грибів роду *Candida* – у 4,68 раза.

Елімінація основних представників автохтонної облігатної (індигенної) мікробіоти із порожнин гайморових пазух сприяла контамінації вмісту порожнини гайморових пазух у хворих на ХГВС із тяжким перебігом ЦД 1-го типу патогенними та умовно-патогенними *S. pneumoniae*, *H. influenzae*, *M. catarrhalis*, *S. pyogenes*, *S. aureus*, бактеріями роду *Enterobacteriaceae*, *Bacteroides*, *Prevotella*, *Fusobacterium*, *Candida*.

Вплив тяжкості перебігу ЦД 1-го типу на мікробіоту (за коефіцієнтом кількісного домінування, індексом постійності та індексом доміну-

Таблиця 5

Динаміка порушень мікробіоти вмісту верхньощелепних пазух у хворих на хронічний гнійний верхньощелепний синусит із цукровим діабетом 1-го типу залежно від ступеня тяжкості

М.О.	ЦД 1-й тип середньої тяжкості (n=11)			ЦД 1-й тип тяжкого перебігу (n=39)			P1	P2	P3
	ПР в ІgКУО/мл, M±m	ККД	ІДБП	ПР в ІgКУО/мл, M±m	ККД	ІДБП			
Облігатні анаеробні бактерії									
Біфідобактерії	0	-	-	0	-	-	-	-	-
Лактобактерії	4,00	6,99	0,020	0	-	-	-	-	-
Бактероїди	5,43±0,18	51,56	0,078	7,02±0,23	51,25	0,128	<0,01	>0,05	<0,05
Превотели	5,19±0,08	30,60	0,059	6,59±0,20	44,89	0,0120	<0,01	<0,05	<0,05
Фузобактерії	4,78±0,11	28,59	0,059	5,37±0,23	17,15	0,0056	<0,05	<0,05	>0,05
2. Факультативні анаеробні та аеробні мікроорганізми									
<i>S.pneumoniae</i>	5,92±0,21	47,20	0,078	7,47±0,32	47,72	1,112	<0,05	>0,05	<0,05
<i>S.pyogenes</i>	5,02±0,08	20,01	0,039	7,02±0,20	28,83	0,072	<0,01	>0,05	<0,05
<i>S.viridans</i>	4,29±0,16	25,66	0,059	6,81±0,11	21,75	0,056	<0,001	>0,05	>0,05
<i>S.salivarins</i>	4,71±0,12	18,78	0,039	3,00	1,36	0,008	<0,001	<0,05	<0,05
<i>S.sanguis</i>	3,11±0,18	12,40	0,039	0	-	-	-	-	-
<i>S.mitis</i>	3,64±0,09	21,77	0,059	0	-	-	-	-	-
<i>S.mutans</i>	0	-	-	0	-	-	-	-	-
<i>M.luteus</i>	4,93±0,21	39,31	0,078	0	-	-	-	-	-
<i>L.lactis</i>	0	-	-	0	-	-	-	-	-
<i>S.aureus</i>	5,71±0,17	22,76	0,039	5,69±0,16	20,77	0,064	>0,05	>0,05	<0,05
<i>S.epidermitis</i>	5,13±0,12	51,13	0,098	4,31±0,14	13,77	0,056	<0,05	<0,05	<0,05
<i>H.influenzae</i>	5,17±0,09	30,92	0,059	5,72±0,23	26,10	0,080	<0,05	>0,05	<0,05
<i>M. catarrhalis</i>	5,29±0,11	31,64	0,059	6,09±0,22	27,78	0,080	<0,05	>0,05	<0,05
<i>E.coli</i>	3,78±0,07	15,07	0,039	4,88±0,18	11,13	0,040	<0,01	>0,05	>0,05
<i>E.coli</i> Hly+	0	-	-	5,69±0,09	5,19	0,016	-	-	-
<i>Candida</i> spp.	3,17±0,12	12,64	0,039	4,77±0,24	26,12	0,096	<0,01	<0,05	<0,05

вання) вмісту порожнини гайморових пазух у хворих на ХГВС із ЦД 1-го типу ілюструють дані таблиці 5.

Показано, що тяжкість перебігу ЦД 1-го типу, на фоні якого розвинувся ХГВС, впливає на стан (таксономічний склад і популяційний рівень) мікробіоти вмісту гайморових пазух хворих. У хворих на ХГВС, поєднаний із тяжким перебігом ЦД 1-го типу, у всіх хворих настає елімінація не тільки біфідобактерій, а також бактерій роду *Lactobacillus*, *Streptococcus* (*S. salivarius*, *S. sanguis*, *S. mitis*, *S. mutans*, *M. luteus* і *L. lactis*) і настає контамінація біотопу патогенними ентеробактеріями.

Крім того, при тяжкому перебігу ЦД 1-го типу зростає кількість умовно-патогенних бактерій роду *Bacteroides* на 29,28 %, *Prevotella* – на 26,40 %, *Fusobacterium* – на 12,34 %, *S. pneumoniae* – на 26,18 %, *S. pyogenes* – на 39,84 %, *S. viridans* – на 58,74 %, *H. influenzae* – на 10,64 %, *M. catarrhalis* – на 15,12 %, *E. coli* – на 29,10 %, дріжджоподібних грибів роду *Candida* – на 50,47 %. На цьому фоні продовжує знижуватися кількість автохтонної облигатної (індигенної) мікробіоти: *S. salivarius* – на 57,00 %, *S. epidermidis* – на 19,03 %.

У хворих на ХГВС із тяжким перебігом ЦД 1-го типу зростає домінуюча роль у мікробіотичних асоціаціях патогенних та умовно-патогенних *S. pneumoniae* – на 43,69 %, бактерії роду *Bacteroides* – на 64,10 %, *Prevotella* у 2,03 раза, *S. pyogenes* – на 84,62 %, *S. aureus* – на 64,10 %, *H. influenzae* і *M. catarrhalis* – на 35,60 %, дріжджоподібних грибів роду *Candida* – у 2,46 раза. При цьому в осіб з тяжким перебігом ЦД 1-го типу зменшується роль домінуючого впливу на стан мікробіоценозу бактерій роду *Fusobacterium* – на 5,36 %, *S. viridans* – на 5,36 %, *S. salivarius* – у 4,88 раза, *S. epidermidis* – на 75,00 %.

Таким чином, тяжкість перебігу ЦД 1-го типу у хворих на ХГВС негативно впливає на таксономічний склад, популяційний рівень, на якісне і кількісне домінування автохтонних облигатних і факультативних, а також алохтонних для біотопу мікроорганізмів. Цей вплив характеризується елімінацією автохтонних облигатних бактерій і контамінацією біотопу патогенними та умовно-патогенними мікроорганізмами; формуванням дефіциту облигатних бактерій і зростанням кількості патогенних та умовно-патогенних мікроорганізмів; зниженням домінуючої ролі облигатних бактерій та суттєвим зростанням патогенних та умовно-патогенних мікроорганізмів.

### Висновки

1. У хворих на хронічний гнійний верхньощелепний синусит, поєднаний із цукровим діабетом 1-го типу, перебіг якого розглядається як середньої тяжкості, у вмісті гайморових пазух кількість лактобацил зменшується на 52,75 %, *S. salivarius* – на 56,05 %, *S. sanguis* – на 86,17 %, *S. mitis* – на 45,33 %, *M. luteus* – на 24,10 %. На фоні зниження в біотопі кількості автохтонних облига-

тних анаеробних та аеробних бактерій зростає кількість умовно-патогенних бактерій роду *Prevotella* на 63,2 %, *Bacteroides* – на 13,60 %, *Fusobacterium* – на 59,33 %, а також *S. pyogenes* – на 25,50 %, і патогенних для біотопу *H. influenzae* – на 47,71 %, *M. catarrhalis* – на 61,77 %. Бактерії, що контамінують вміст гайморових пазух (*S. pneumoniae*, *E. coli*) досяють помірного (*E. coli*) і високого (*S. pneumoniae*) популяційного рівня.

2. Домінуюча роль у мікроекологічній системі порожнини верхньощелепної пазухи у хворих на хронічний гнійний верхньощелепний синусит з цукровим діабетом 1-го типу середньої тяжкості перебігу на основі значень ККД, КЗ, індексу постійності і домінування Бергера-Паркера належить *S. epidermidis*, *Bacteroides* spp., *S. pneumoniae*, *M. luteus*, *M. catarrhalis*, *H. influenzae*, *Prevotella* spp., *Fusobacterium* spp., *S. viridans*, *S. mitis*, *S. pyogenes*.

3. У хворих на хронічний гнійний верхньощелепний синусит із тяжким перебігом цукрового типу 1-го типу зростає домінуюча роль у мікробіотичних асоціаціях патогенних та умовно-патогенних *S. pneumoniae* – на 43,69 %, бактерії роду *Bacteroides* – на 64,10 %, *Prevotella* – у 2,03 раза, *S. pyogenes* – на 84,62 %, *S. aureus* – на 64,10 %, *H. influenzae* і *M. catarrhalis* – на 35,60 %, дріжджоподібних грибів роду *Candida* – у 2,46 раза. При цьому в осіб з тяжким перебігом ЦД 1-го типу зменшується роль домінуючого впливу на стан мікробіоценозу бактерій роду *Fusobacterium* – на 5,36 %, *S. viridans* – на 5,36 %, *S. salivarius* – у 4,88 раза, *S. epidermidis* – на 75,00 %.

4. Тяжкість перебігу цукрового діабету 1-го типу у хворих на хронічний гнійний верхньощелепний синусит негативно впливає на таксономічний склад, популяційний рівень, на якісне і кількісне домінування автохтонних облигатних і факультативних, а також алохтонних для біотопу мікроорганізмів. Цей вплив характеризується елімінацією автохтонних облигатних бактерій і контамінацією біотопу патогенними та умовно-патогенними мікроорганізмами; формуванням дефіциту облигатних бактерій і зростанням кількості патогенних та умовно-патогенних мікроорганізмів; зниженням домінуючої ролі облигатних бактерій та суттєвим зростанням патогенних та умовно-патогенних мікроорганізмів.

### Перспективи подальших досліджень.

Встановити ступінь впливу змін якісного та кількісного складу мікрофлори вмісту порожнини верхньощелепної пазухи синусу на формування дисбактеріозу/ дисбіозу мікробіоти ротоглотки та товстої кишки у хворих на хронічний гнійний верхньощелепний синусит з різним ступенем тяжкості цукрового діабету 1-го типу.

Одержані результати та виявлені порушення мікробіоценозу слизової оболонки ротоглотки та кишечника будуть підставою для розробки адекватної лікувальної тактики з застосуванням пробіотиків (симбітер, лактовіт, біфіформ, лактіале, лінекс) у лікуванні та реабілітації хворих на хро-



нічний гнійний верхньощелепний синусит із цукровим діабетом 1-го типу з урахуванням тяжкості клінічного перебігу [2, 3, 7].

### Література

1. Дисбіоз кишечника в діабетології / [Сидорчук І.Й., Ляшук Р.П., Пашковська Н.В. та ін.]; – [2-е видання]. – Чернівці: медуніверситет, 2007. – 120с.
2. Заболотна Д.Д. Клініко-експериментальне обґрунтування застосування пробіотиків у комплексній терапії хронічних неспецифічних запальних та алергічних захворювань верхніх дихальних шляхів: автореф. дис. на здобуття наук. ступеня д. мед. наук / Заболотна Діана Дмитрівна. – К., 2010. – 47 с.
3. Заболотная Д.Д. Применение пробиотических препаратов при лечении пациентов с хроническими заболеваниями ЛОР-органов / Д.Д. Заболотная // Ж. вуш., нос. і горл. хвороб. – 2005. – № 3-с. – С. 99.
4. Лайко А.А. Інфекції в хронічній патології навколоносових пазух у дітей (попереднє повідомлення) / А.А. Лайко, О.Ю. Бредун, В.Г. Яновська // ЖВНГХ. – 2004. – № 1. – С. 40-43.
5. Методы обработки медицинской информации / [Мишнер О.П., Шатунов В.Б. и др.]. – К.: Вища школа, 1991. – 271 с.
6. Окунь О.С. Эпидемиологический анализ хронического гнойного гайморита / О.С. Окунь, А.Г. Колесникова // Рос. ринол. ж. – 1997. – № 1. – С. 17-26.
7. Применение новых пробиотических препаратов при лечении хронических воспалительных заболеваний верхних дыхательных путей: тези ІХ з'їзду оториноларингологів України / Д.И. Заболотный, Л.И. Волосевич, О.Г. Вольская, И.С. Зарицкая, Д.Д. Заболотная. – К.: ІЦ Медпромінфо, 2000. – С. 59.
8. Провідні збудники негоспітальної пневмонії та їх імуносупресивні властивості / Каспрук Н.М., Сидорчук Л.І., Левицька С.А. [та ін.] // Бук. мед. вісник. – 2013. – Т. 17, № 3 (67). – С. 22-27.
9. Сидоренко Н.М. Популяційна характеристика мікробіоти біотопу верхньощелепних синусів у хворих на хронічний риносинусит / Н.М. Сидоренко // Ринологія. – 2006. – № 1. – С. 17-22.
10. Щелкунов А.П. Характеристика микробного «пейзажа» отделяемого из полости носа и околоносовых пазух у больных купальными риносинуситами в сравнении с риносинуситами, развившимися в зимне-весенний период / А.П. Щелкунов, С.М. Пухлик, В. Пушкина // ЖВНГХ. – 2011. – № 3. – С. 42-46.

## ТАКСОНОМИЧЕСКИЙ СОСТАВ И ПОПУЛЯЦИОННЫЙ УРОВЕНЬ МИКРОБИОТЫ СОДЕРЖИМОГО ВЕРХНЕЧЕЛЮСТНЫХ ПАЗУХ У БОЛЬНЫХ ХРОНИЧЕСКИМ ГНОЙНЫМ СИНУСИТОМ С САХАРНЫМ ДИАБЕТОМ 1-ГО ТИПА В ЗАВИСИМОСТИ ОТ ТЯЖЕСТИ ЕГО ТЕЧЕНИЯ

О.А. Мазур, А.Г. Плаксивый, И.В. Калущкий, К.И. Яковец

**Резюме.** Проведено мікробіологічне обстеження 97 образців содержимого полости верхнечелюстных пазух. Основную группу составили 50 больных хроническим гнойным верхнечелюстным синуситом с сахарным диабетом 1-го типа в возрасте 15-54 лет. Среди больных основной группы эндокринологи установили у 11 больных течение сахарного диабета 1-го типа средней тяжести, в 39 – тяжелая степень течения. Контрольную группу составили 47 практически здоровых человек.

У больных ХГВС с СД 1-го типа средней тяжести в содержимом гайморовых пазух количество лактобацилл уменьшается на 52,75 %, *S. salivarius* – на 56,05 %, *S. sanguis* – на 86,17 %, *S. mitis* – на 45,33 %, *M. luteus* – на 24,10 %. На фоне снижения в биотопе количества автохтонных облигатных анаэробных и аэробных бактерий возрастает количество условно-патогенных бактерий рода *Prevotella* на 63,2 %, *Bacteroides* – на 13,60 %, *Fusobacterium* – на 59,33 %, а также *S. pyogenes* – на 25,50 %, и патогенных для биотопа *H. influenzae* – на 47,71 %, *M. catarrhalis* – на 61,77 %. Бактерии, которые контаминировать содержимое гайморовых пазух (*S. pneumoniae*, *E. coli*) достигают умеренного (*E. coli*) и высокого (*S. pneumoniae*) популяционного уровня. Доминирующая роль в микробиологической системе полости верхнечелюстной пазухи больных ХГВС с СД 1-го типа средней тяжести течения на основе значений КПД, КЗ, индекса постоянства и доминирования Бергера-Паркера принадлежит *S. epidermidis*, *Bacteroides spp.*, *S. pneumoniae*, *M. luteus*, *M. catarrhalis*, *H. influenzae*, *Prevotella spp.*, *Fusobacterium spp.*, *S. viridans*, *S. mitis*, *S. pyogenes*. У больных ХГВС с тяжелым течением СД 1-го типа возрастает доминирующая роль в микробиотических ассоциациях патогенных и условно-патогенных *S. pneumoniae* – на 43,69 %, бактерии рода *Bacteroides* – на 64,10 %, *Prevotella* – в 2,03 раза, *S. pyogenes* – на 84,62 %, *S. aureus* – на 64,10 %, *H. influenzae* и *M. catarrhalis* – 35,60 %, дрожжеподобных грибов рода *Candida* в 2,46 раза. При этом у больных с тяжелым течением СД 1-го типа уменьшается роль доминирующего влияния на состояние микробиоценоза бактерий рода *Fusobacterium* – на 5,36 %, *S. viridans* – на 5,36 %, *S. salivarius* – в 4,88 раза, *S. epidermidis* – на 75,00 %. Тяжесть течения СД 1-го типа у больных ХГВС негативно влияет на таксономический состав и популяционный уровень микробиоты и характеризуется снижением доминирующей роли облигатных бактерий и существенным ростом патогенных и условно-патогенных микроорганизмов гайморовых пазух.

**Ключевые слова:** синусит (гайморит), микрофлора, дисбиоз, сахарный диабет.

## TAXONOMIC CONTENT AND POPULATION MICROBIOTA LEVEL OF THE MAXILLARY SINUS CONTENT IN PATIENTS WITH CHRONIC PURULENT SINUSITIS WITH TYPE 1 DIABETES MELLITUS DEPENDING ON THE SEVERITY OF ITS COURSE

O.O. Mazur, O.G. Plaksvyyi, I.V. Kalutskyi, K.I. Iakovets

**Abstract.** Microbiological examination of 97 samples of the maxillary sinus content was performed. The main group included 50 patients with chronic purulent maxillary sinusitis (CPMS) with type I diabetes mellitus (DM) aged from 15 to 54. Among the patients from the first group endocrinologists found 11 patients with type I diabetes mellitus of a moderate severity, 39 – severe degree of the course. The control group included 47 practically healthy people.

In patients with CPMS and type I DM of a moderate severity the amount of lactic acid bacilli in the content of maxillary sinuses is by 52,75 % less, *S. salivarius* – 56,05 %, *S. sanguis* – 86,17 %, *S. mitis* – 45,33 %, *M. luteus* – 24,10 %. Against the ground of decreased amount of autochthonous obligate anaerobic and aerobic bacteria in the biotope the amount of opportunistic bacteria increases, such as the genus *Prevotella* by 63,2 %, *Bacteroides* – 13,60 %, *Fusobacterium* – 59,33 %, and also *S. pyogenes* – 25,50 %, and pathogenic for the biotope *H. influenzae* - by 47,71 %, *M. catarrhalis* - by 61,77 %. Bacteria contaminating the content of maxillary sinuses (*S. pneumoniae*, *E. coli*) achieve moderate (*E. coli*) and high (*S. pneumoniae*) population level. A dominating role in the microecologic system of the maxillary sinus cavities of patients with CPMS with type I DM of a moderate severity on the basis of values quantitative dominance coefficient (QCD) and significance coefficient (SC), consistency and domination of Berger-Parker index, belongs to *S. epidermidis*, *Bacteroides spp.*, *S. pneumoniae*, *M. luteus*, *M. catarrhalis*, *H. influenzae*, *Prevotella spp.*, *Fusobacterium spp.*, *S. viridans*, *S. mitis*, *S. pyogenes*. In patients with CPMS with severe type I DM a dominating role in microbiotic associations of pathogenic and opportunistic bacteria increases such as *S. pneumoniae* – by 43,69 %, *Bacteroides* – by 64,10 %, *Prevotella* by 2,03 times, *S. pyogenes* – by 84,62 %, *S. aureus* – by 64,10 %, *H. influenzae* and *M. catarrhalis* – 35,60 %, the yeast-like fungi of the genus *Candida* by 2,46 times. At the same time, in patients with severe course of type I DM the role of a dominating effect on the condition of microbiocenosis of bacteria decreases such as *Fusobacterium* – by 5,36 %, *S. viridans* – by 5,36 %, *S. salivarius* – by 4,88 times, *S. epidermidis* – by 75,00 %. Severity of type I DM in patients with CPMS has a negative effect on taxonomic content and population level of microbiota, it is characterized by the reduction of a dominating role of obligate bacteria and considerable increase of pathogenic and opportunistic microorganisms of the maxillary sinuses.

**Key words:** sinusitis (highmoritis), microflora, dysbiosis, diabetes mellitus.

Higher State Educational Institution of Ukraine «Bukovinian State Medical University» (Chernivtsi)

Рецензент – проф. І.Й. Сидорчук

Buk. Med. Herald. – 2016. – Vol. 20, № 3 (79). – P. 110-119

Надійшла до редакції 12.06.2016 року